

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: November 19, 2005, 09:21:41 ; Search time 44742 Seconds
(without alignments)
11941.165 Million cell updates/sec

Title: US-09-587-653-2

Perfect score: 9399
Sequence: 1 accacaacacccagcttg.....cccgttggaatcaaac 9399

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 5683141 seqs, 28421725653 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 11766282

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl.*
1: gb_pa:*
2: gb_in:*
3: gb_env:*
4: gb_om:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_pr:*
9: gb_ro:*
10: gb_sts:*
11: gb_sy:*
12: gb_un:*
13: gb_vl:*
14: gb_htg:*
15: gb_pl:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	9389.4	99.9	9399	11 AY243572	AY243572 Synthetic
2	9386.2	99.9	9399	6 AX057392	AX057392 Sequence
3	9386.2	99.9	9399	13 AF179612	AF179612 Hepatitis
4	9329	99.3	9397	6 AX805212	AX805212 Sequence
5	9329	99.3	9397	13 HGB277947	AJ277947 Hepatitis
6	9120.2	97.0	9139	6 AX057394	AX057394 Sequence
7	9059.8	96.4	9143	6 AR075140	AR075140 Sequence
8	9059.8	96.4	9143	6 AR230431	AR230431 Sequence
9	9059.8	96.4	9143	6 AR230434	AR230434 Sequence
10	9059.8	96.4	9143	6 AR310126	AR310126 Sequence
11	9059.8	96.4	9143	6 AR310129	AR310129 Sequence
12	9059.8	96.4	9143	6 AR350538	AR350538 Sequence
13	9059.8	96.4	9143	6 AR350541	AR350541 Sequence
14	9059.8	96.4	9143	6 AR494272	AR494272 Sequence
15	9059.8	96.4	9143	6 AR494275	AR494275 Sequence
16	9059.8	96.4	9143	6 HG022304	U22304 Hepatitis G
17	8684.6	92.4	8912	6 AR230335	AR230335 Sequence
18	8684.6	92.4	8912	6 AR310030	AR310030 Sequence

19	8684.6	92.4	8912	6 AR350442	AR350442 Sequence
20	8684.6	92.4	8912	6 AR494176	AR494176 Sequence
21	6081.6	64.7	8027	13 GV1428955	AJ428955 Hepatitis
22	6081.6	64.7	8069	6 AX805211	AX805211 Sequence
23	4152.6	44.2	4268	6 AR230353	AR230353 Sequence
24	4152.6	44.2	4268	6 AR310048	AR310048 Sequence
25	4152.6	44.2	4268	6 AR350460	AR350460 Sequence
26	4152.6	44.2	4268	6 AR494194	AR494194 Sequence
27	1221.8	13.0	1233	13 AY534875	AY534875 Hepatitis
28	1221.8	13.0	1233	13 AY534877	AY534877 Hepatitis
29	1215.4	12.9	1233	13 AY534878	AY534878 Hepatitis
30	1213.8	12.9	1233	13 AY534873	AY534873 Hepatitis
31	1213.8	12.9	1233	13 AY534874	AY534874 Hepatitis
32	1213.8	12.9	1233	13 AY534876	AY534876 Hepatitis
33	449.8	4.8	479	6 AR230346	AR230346 Sequence
34	449.8	4.8	479	6 AR230433	AR230433 Sequence
35	449.8	4.8	479	6 AR310041	AR310041 Sequence
36	449.8	4.8	479	6 AR310128	AR310128 Sequence
37	449.8	4.8	479	6 AR350453	AR350453 Sequence
38	449.8	4.8	479	6 AR350540	AR350540 Sequence
39	449.8	4.8	479	6 AR494187	AR494187 Sequence
40	449.8	4.8	479	6 AR494274	AR494274 Sequence
41	343.4	3.7	357	13 HGB18973	Y18973 Hepatitis G
42	319.6	3.4	337	6 AR230350	AR230350 Sequence
43	319.6	3.4	337	6 AR230426	AR230426 Sequence
44	319.6	3.4	337	6 AR310045	AR310045 Sequence
45	319.6	3.4	337	6 AR310121	AR310121 Sequence

ALIGNMENTS

RESULT 1	AY243572	9399 bp	RNA	linear	SYN 20-AUG-2003
LOCUS	AY243572				
DEFINITION	Synthetic construct polypeptide gene, complete cds.				
ACCESSION	AY243572				
VERSION	AY243572.1	GI:33090377			
KEYWORDS					
SOURCE					
ORGANISM	Synthetic construct				
REFERENCE	Other sequences; artificial sequences.				
AUTHORS	1 (bases 1 to 9399)				
TITLE	Martin, A., Bodola, F., Sangar, D. V., Goette, K., Popov, V.,				
JOURNAL	Rijnbrand, R., Lanford, R. E. and Lemon, S. M.				
PUBMED	Chronic hepatitis associated with GB virus B persistence in a				
REFERENCE	tamarin after intrahepatic inoculation of synthetic viral RNA				
AUTHORS	Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 100 (17), 9962-9967 (2003)				
TITLE	2 (bases 1 to 9399)				
JOURNAL	Martin, A., Bodola, F., Sangar, D. V., Goette, K., Popov, V.,				
PUBMED	Rijnbrand, R., Lanford, R. E. and Lemon, S. M.				
REFERENCE	Submitted (25-FEB-2003) Virology and Immunology, University of				
AUTHORS	Texas Medical Branch, 301 University Boulevard, Galveston, TX				
TITLE	77555, USA				
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					
PUBMED					
REFERENCE					
AUTHORS					
TITLE					
JOURNAL					

FIADHIDPVMGALVTCDAIDIGELGACVLYVGDMLVRHMLIHIDNBTGTCVLEVPBG
IDPGLIGTGMAGKVEAVIETITKASQVPAIATMPSSVHLIANGALITYASRKMV
QULLDLMLTIEATSGNPIRVPTGCSIAECSPLMTIPCMWSTLSESVISCTSKMT
RPIITLNNYSISWPEYTIPEGAGCMVFKQNTMGCRCIRNVSYCTMGDAWMDTRN
TYEVGCTPMLTAMNNGSALKLAILOUYGKEMFKPHNMWSPHEDSPIYIFYF
DVNSGTPMLPERMAHPTPPVVRGSMLOVPOGFSYDVLNGLITDKAKNTQVL
YSATGALSLTGYTKRAVULILGLGSGSKLILAYLCYLSIGRSGAPLRAVLSOS
YIOAGMDLSKAOVAPFALIFICTCYLRRLRYAALIGPVPAAAGIPLTFPAAAAO
PDYDMWRLLVAGLVLMAGNRNGHRIALVGPMPVALLTLLHTVPSAFPTETIGG
LTIPIVVALVMSRFGFAHLPRCALVNSYLQRMWEMFNMTLPERFVLVCFP
GATDALVTFVCVCHALLCTISSAFSTDSRVAHRMLVILGCHAYSHVLCF
LLVGRNGVEFYKHLHGDVLPNDPASKLQEPFEPPEKAVAVNREGRLACGTVD
GLPVARIGDVLPAGLAMPDGMATITAPETLOCSERGLTSMVAVMNGLIDRMTGT
ITRLSLATSTMGPCDNLVLYAHHSKRRLAHPGSIHPITVDANDODIYQPPCG
ASLTRCSGERTGKLVLRGLVEVNSKDDPYWCVCGLPAVAVAGSGGAILCSGS
HVIQMTARNNGGSVSQIRVPLVCAQHPQYTAHATIDTPTVENEYSVLIILAPT
GSGSKTCLPLSTMOEKYEVLANPSVATASMPKYMALYGNPCSEYFKGCTNNGAS
LTYSTGYMLTGACSRNDVILICDECHATDAITVIGILVLEASKNVRLVVLATAT
PGGVIPTPHANTTEIOLDEGHIIPHGKIKRENIKKGRHLFEATKGCDBLAMELA
RKGITVASYRGCDSIKIPBGDCVVATDALCTGYTGDSDSYDGSIMWEGTCHDLD
PFTPGVAVCGVSALVKGQRGRGTGRAGIYYVDGCTPSGMVPCNTVAFDAK
AMYGLSSTBAQTLIDTPTQPLPAIGANLDEMADLFMNVNEPSPVNTAKTANDYQ
LITAAOLOCHQYGAAPMDABMOGARLGGKPCGYLMRLDGDADCPGEPSEVTRYO
MCEVENTSGTALAAGVGVAMAYLAIDTFGATCVRCMSIASVPTGATVATIAIIEYC
IYBECASFPLEAMVAAIDKLSTITTTTSPTLTALAEKLNPLTGPAAATIAIIEYC
CGIIVLPNPPASCPAPFAGITTPPHKIMPLSFGAIAISKLTARAGALAPMAG
AAGTALGTWTSVGFVPMGLGYAAASSTCLTFKCLMGSPMDQIADGLVSAFDEAS
GVAVLSACAMPALTTAGDPHWNRLITMLARSNTVCNEFLATIDIRKLIAGILEAS
TMSVSIACIRMLHTPTEDDCGLIAMGELIMQYCNFPIYCNVLCAGYMSVMAVJPG
PYSYCKGKGMISGMLQARCPGAEILFSEVNGFALYGPRTCSYNGMAGVAVN
ABLCGSRPDPMTSLVYVGVROCKEKKMDHIFVAVSPVPCFQVOPVPTLRBA
VAVDQVOCYIAGEPTPTTSACTCGPBGKTKYKLPVRYDHTPGVAMQNLADAL
ENDNCSNTNNTSDEAVASALVFKQELRNTQLBAILSGVDTTKLPASIEEVVRK
RQFRAPTGSLTLPPEPSVGVSCBESLQRPDLBPSMLPSPLQDAMPPELKI
GCPNPETAIGCMTEGSGPDLPSYPKXESWSDSEMSATPSSSVYTPPPIKI
BKDSTOSAPARPTKKLKGSEFSMSYTWMDVISPFTASKVSUATGATVAGVPLQ
RLVYVTEPRDAELKOKYTINROPLPSPSYHKOVRALAEKSKYVAGWMDDEVAAH
TPSKAKSHITGLRGTDVASAKRAVLDLQCEVAGEIIPSTROTIVYKKEVYKT
POKPTKEPRLISYPLEMRCEKMYEGVADPVAVAKVADVGVDFOTRKLRLIM
WSPDVGATCDIVCPDSITTPEDINVEDIYSAAKLSDBHRAHITAIQALRAGLPMI
AYDREIYGRRCRSGSVYTTSSNSLTCMLKYNAAEOAGMKNPFLIGDCCYIWK
SAGADLQKQMRVPMKMGAPODCVCPKYSBELSGSLTSGKSGEYVF
LTRDRIPLRGCSAGELGYNPSAAGIYHHRPCIMVSRVLAIVHFMEMLPEDKLE
TTPEDMYGKATVPVEDULSIAGHGIASFSVARYTNAELIYVQSGLDITDMTPBLRA
MKKAAVILASAKRRGGAHAKLARFLMLMATSRLPDLKITSVARTFTNYCDVSPB
GVFTTPORRLOKFLVKYLAIVFALGIAVGLAIS"

9041..9399

ORIGIN
3'UTR

Query Match 99.9%; Score 9389.4; DB 11; Length 9399;

Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;

Matches 9393; Conservative 0; Mismatches 6; Indels 0; Gaps 0;

QY	1	ACCACAAACACTCAGTTTGTACACTCGCGCTAGGAATGCTCCTGGAGACCCCCCTAG	60
DB	1	ACCACAAACACTCAGTTTGTACACTCGCGCTAGGAATGCTCCTGGAGACCCCCCTAG	60
QY	61	CAGGGCGTGGGGATTTCCCTGCGCTCTGCAGAAAGGTGAGCCCAACCACTTAGAT	120
DB	61	CAGGGCGTGGGGATTTCCCTGCGCTCTGCAGAAAGGTGAGCCCAACCACTTAGAT	120
QY	121	GTAAGGCGGGGACTATAGACGTCGCGGTGATGACAAAGGCCCAAGCTTGAATGGC	180
DB	121	GTAAGGCGGGGACTATAGACGTCGCGGTGATGACAAAGGCCCAAGCTTGAATGGC	180
QY	181	CCTGATGGGCGTTATGAGGTTGGGTGCTGCTTAAAGCAGGCTCAAGCCCAACA	240
DB	181	CCTGATGGGCGTTATGAGGTTGGGTGCTGCTTAAAGCAGGCTCAAGCCCAACA	240
QY	241	CCTCCAGATAGACGCGGCACTGTAGAGGAAGACCGGGGACCGGCTCACTACCAAGAGC	300
DB	241	CCTCCAGATAGACGCGGCACTGTAGAGGAAGACCGGGGACCGGCTCACTACCAAGAGC	300

QY	301	CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCGCTCCGGAAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTATATGTG	360
DB	301	CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCGCTCCGGAAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTATATGTG	360
QY	361	TGGGATGGTGGGGTTAGGCATCCATACCGTACCTGCTAGTAGGGCTCTTGGAGGGAGT	420
DB	361	TGGGATGGTGGGGTTAGGCATCCATACCGTACCTGCTAGTAGGGCTCTTGGAGGGAGT	420
QY	421	CTGGGAGTCTGCTAGACCGGTAGCACATGCTCTTATTTCTACTCAAACAAGTCTGTACC	480
DB	421	CTGGGAGTCTGCTAGACCGGTAGCACATGCTCTTATTTCTACTCAAACAAGTCTGTACC	480
QY	481	TGGGCCAAGAACGCGCAAGAAACAAGACGAGGCTTCAATPCCGTGCTCCATTAAAC	540
DB	481	TGGGCCAAGAACGCGCAAGAAACAAGACGAGGCTTCAATPCCGTGCTCCATTAAAC	540
QY	541	ATCTGTGAAAGGGGACAAAGGAGGCAAGGCTCCAGCGGATGCTCGGCTCTGTAA	600
DB	541	ATCTGTGAAAGGGGACAAAGGAGGCAAGGCTCCAGCGGATGCTCGGCTCTGTAA	600
QY	601	TTACAAAAATGCTGTTATCCATGATGCGCTTGACAGACTTGCTCAGGCTGCTTGGCAGC	660
DB	601	TTACAAAAATGCTGTTATCCATGATGCGCTTGACAGACTTGCTCAGGCTGCTTGGCAGC	660
QY	661	TGATGTTGGGGAGCGCAAGACCTCGGCAATAGTCTGCAATCTTGAATCTTGTGA	720
DB	661	TGATGTTGGGGAGCGCAAGACCTCGGCAATAGTCTGCAATCTTGAATCTTGTGA	720
QY	721	TTACCTTTTGGGGTGGATTTGGATGTTACAACTGACACACCTCTAGTAGGCCCGCTGTG	780
DB	721	TTACCTTTTGGGGTGGATTTGGATGTTACAACTGACACACCTCTAGTAGGCCCGCTGTG	780
QY	781	GCGAGAGCGGCTGCTTCCAGACGTCCTCCAGATAGTACGCTTGGTGGAGATGAGTCAA	840
DB	781	GCGAGAGCGGCTGCTTCCAGACGTCCTCCAGATAGTACGCTTGGTGGAGATGAGTCAA	840
QY	841	CTGGGCTACGTTGGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG	900
DB	841	CTGGGCTACGTTGGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG	900
QY	901	TCCCTGTAGTGGGGCGCGGGTCACTGACCCAGACACAAATACCAATCTGACCAATTG	960
DB	901	TCCCTGTAGTGGGGCGCGGGTCACTGACCCAGACACAAATACCAATCTGACCAATTG	960
QY	961	CTGCCAGCGTATCAGGTTATCTATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	1020
DB	961	CTGCCAGCGTATCAGGTTATCTATTTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT	1020
QY	1021	TGTGATCTGTGCGAGCAGAGTGTGGGTTCCGSCAAATCGTACATCTCACACCTTCCAA	1080
DB	1021	TGTGATCTGTGCGAGCAGAGTGTGGGTTCCGSCAAATCGTACATCTCACACCTTCCAA	1080
QY	1081	TTGAGCTGGCAAGACTCTCTCTCTGCTGACCAATGATTTTGTATAGGGCGCTCTGTG	1140
DB	1081	TTGAGCTGGCAAGACTCTCTCTCTGCTGACCAATGATTTTGTATAGGGCGCTCTGTG	1140
QY	1141	GACCTGTGACCGCTTGGACATTTGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT	1200
DB	1141	GACCTGTGACCGCTTGGACATTTGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT	1200
QY	1201	GCTTGTGAGGCACTGCTTATTCATATAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTAACTGTGA	1260
DB	1201	GCTTGTGAGGCACTGCTTATTCATATAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTAACTGTGA	1260
QY	1261	AGTGGCCAATGAAATAGATCTGGGTTCTTGAAGTTTATCGGATGATGGCCGCAAGGT	1320
DB	1261	AGTGGCCAATGAAATAGATCTGGGTTCTTGAAGTTTATCGGATGATGGCCGCAAGGT	1320
QY	1321	CGAGGCTGTCAATCTTCTTGAACCAATGCTTCACAAGTACATAGCTATTTGGCACTAT	1380
DB	1321	CGAGGCTGTCAATCTTCTTGAACCAATGCTTCACAAGTACATAGCTATTTGGCACTAT	1380
QY	1381	GTTTGAAGATGTACACTACCTGCGGGTGGCGCTGTGATCTACTATAGCTCTTGGGGCAA	1440

QY 3601 ATTGGTTGAGTCAACAATCCGATGACCTTATTGGTGTGTGCGGGCCCTTCCAT 3660
DB |||||
DB 3601 ATTGGTTGAGTCAACAATCCGATGACCTTATTGGTGTGTGCGGGCCCTTCCAT 3660
QY 3661 GGCTGTGGCCAGGGGTTCTTCAGGTGCCCGATTCTGTGCTCCTCCGGGCATGTTATTGG 3720
DB |||||
DB 3661 GGCTGTGGCCAGGGGTTCTTCAGGTGCCCGATTCTGTGCTCCTCCGGGCATGTTATTGG 3720
QY 3721 GATGTTACCGCTGTCAAGAAATTTCTGGCGGTTCAGTCACTGATTTAGGGGTTAGCCGTT 3780
DB |||||
DB 3721 GATGTTACCGCTGTCAAGAAATTTCTGGCGGTTCAGTCACTGATTTAGGGGTTAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTCTGATATACATCCCAAGTACACAGACATGCTCTTTGATCAAAAACCTAC 3840
DB |||||
DB 3781 GGTGTGTCTGATATACATCCCAAGTACACAGACATGCTCTTTGATCAAAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTACGAGTATTCAGTGCAAAATTTTAATGTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
DB |||||
DB 3841 TGTGCTTACGAGTATTCAGTGCAAAATTTTAATGTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTACCACTTCTTACATGACAGAGAAATGATGATCTTGTGCTTAAATCCCACTGT 3960
DB |||||
DB 3901 CAAATTACCACTTCTTACATGACAGAGAAATGATGATCTTGTGCTTAAATCCCACTGT 3960
QY 3961 GGGTACACACGATCAATGCAAGTACATGCAACGCGACGTACGGCGGTGATTCCAAATTG 4020
DB |||||
DB 3961 GGGTACACACGATCAATGCAAGTACATGCAACGCGACGTACGGCGGTGATTCCAAATTG 4020
QY 4021 CTAATTTAATGGAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATAGGCAT 4080
DB |||||
DB 4021 CTAATTTAATGGAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATAGGCAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTTATCAATTTGTGACAAATGCCATGC 4140
DB |||||
DB 4081 GTACCTGACCGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTTATCAATTTGTGACAAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGACCAACCGTGTGGGCAATGGAAAGTCTTACCGAAGCTCCCAAAA 4200
DB |||||
DB 4141 TACCGATGACCAACCGTGTGGGCAATGGAAAGTCTTACCGAAGCTCCCAAAA 4200
QY 4201 TGTGAGGCTAGTGTCTTGCAACGGCTACCCCCCTGGAGTAACTCCCTACACACATGC 4260
DB |||||
DB 4201 TGTGAGGCTAGTGTCTTGCAACGGCTACCCCCCTGGAGTAACTCCCTACACACATGC 4260
QY 4261 CAACATTAAGTATCAATTAACCGATGAGGCACTATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
DB |||||
DB 4261 CAACATTAAGTATCAATTAACCGATGAGGCACTATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
QY 4321 TAAAGAGAAAATCTGAAGAAAGGAGACCTTATCTTTGAGGCTACCAAAAACATGC 4380
DB |||||
DB 4321 TAAAGAGAAAATCTGAAGAAAGGAGACCTTATCTTTGAGGCTACCAAAAACATGC 4380
QY 4381 TGAATGCTTGTCAAGAGTGTGCTGAAAGGGAATPAACGTCTCTTACTATAGGGG 4440
DB |||||
DB 4381 TGAATGCTTGTCAAGAGTGTGCTGAAAGGGAATPAACGTCTCTTACTATAGGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGCGCATGTGTATGATGTTCCACTGATGCTTGTG 4500
DB |||||
DB 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGCGCATGTGTATGATGTTCCACTGATGCTTGTG 4500
QY 4501 TACAGGGTACACTGTGACTTTGATTCGGTATGACTGACGCTCATGGTATAAAGGAC 4560
DB |||||
DB 4501 TACAGGGTACACTGTGACTTTGATTCGGTATGACTGACGCTCATGGTATAAAGGAC 4560
QY 4561 ATGCCATGTTGACCTTGACCTTCACTTCAACATGGGAGTGTGCTGTGGGGGTTTCAGC 4620
DB |||||
DB 4561 ATGCCATGTTGACCTTGACCTTCACTTCAACATGGGAGTGTGCTGTGGGGGTTTCAGC 4620
QY 4621 AATAGTTAAAGGCGCAGGTAGGGGCGCACAGGCGGTGGAGAGACTGCATATATCTACTA 4680
DB |||||
DB 4621 AATAGTTAAAGGCGCAGGTAGGGGCGCACAGGCGGTGGAGAGACTGCATATATCTACTA 4680

QY 4681 TGTAGACGGAGATTGTACCCCTTGCGGTATGTTGCTGTAATGCAACATTTGTTGAACCTT 4740
DB |||||
DB 4681 TGTAGACGGAGATTGTACCCCTTGCGGTATGTTGCTGTAATGCAACATTTGTTGAACCTT 4740
QY 4741 CGACGACGCAAGGATGATGTTGTGTATCAACAGAACTCAAACTATTTCTGACAC 4800
DB |||||
DB 4741 CGACGACGCAAGGATGATGTTGTGTATCAACAGAACTCAAACTATTTCTGACAC 4800
QY 4801 CTATGCAACCCCACTGGGTTACTCTGCAATAGAGCAAAATTTGGACAGATGGGCTGATCT 4860
DB |||||
DB 4801 CTATGCAACCCCACTGGGTTACTCTGCAATAGAGCAAAATTTGGACAGATGGGCTGATCT 4860
QY 4861 CTTTCTATGATCAACCCCGAACTTCAATTTGTCAATFACGTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
DB |||||
DB 4861 CTTTCTATGATCAACCCCGAACTTCAATTTGTCAATFACGTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGATGACGACCCCACTAACCTGTGTCAATCAGTATGGCTATGCTGCTCC 4980
DB |||||
DB 4921 TTATGTTTGTGATGACGACCCCACTAACCTGTGTCAATCAGTATGGCTATGCTGCTCC 4980
QY 4981 CAATGACGACCAAGGTGCGAGGAGCCCGCTTGGGAAAAAATCTGTGGGGTTCTGTG 5040
DB |||||
DB 4981 CAATGACGACCAAGGTGCGAGGAGCCCGCTTGGGAAAAAATCTGTGGGGTTCTGTG 5040
QY 4981 CAATGACGACCAAGGTGCGAGGAGCCCGCTTGGGAAAAAATCTGTGGGGTTCTGTG 5040
DB |||||
DB 4981 CAATGACGACCAAGGTGCGAGGAGCCCGCTTGGGAAAAAATCTGTGGGGTTCTGTG 5040
QY 5041 GCGCTTGGACGGCGCTGACGCTGTCTGTGAGCCAGAGCCAGCGAGGTGACAGATACCA 5100
DB |||||
DB 5041 GCGCTTGGACGGCGCTGACGCTGTCTGTGAGCCAGAGCCAGCGAGGTGACAGATACCA 5100
QY 5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGTGGGTGAGT 5160
DB |||||
DB 5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGTGGGTGAGT 5160
QY 5161 GGGTATGCTTATCTAGGCAATGACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCGTTCGTGTC 5220
DB |||||
DB 5161 GGGTATGCTTATCTAGGCAATGACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCGTTCGTGTC 5220
QY 5221 TATGATGATGCTTATCTAGGCAATGACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCGTTCGTGTC 5280
DB |||||
DB 5221 TATGATGATGCTTATCTAGGCAATGACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCGTTCGTGTC 5280
QY 5281 GAGAGAGTGTGATCAATTCCTTGTGAGGCAATGTTGTGCAATGATGATGATGAA 5340
DB |||||
DB 5281 GAGAGAGTGTGATCAATTCCTTGTGAGGCAATGTTGTGCAATGATGATGATGAA 5340
QY 5341 GAGTACATCAACCAATGATGCTTTCATCATTTGGAACCCGCTTGAATAAATCTTAAAC 5400
DB |||||
DB 5341 GAGTACATCAACCAATGATGCTTTCATCATTTGGAACCCGCTTGAATAAATCTTAAAC 5400
QY 5401 GATGCAATTAACCAATGATGCTTTCATCATTTGGAACCCGCTTGAATAAATCTTAAAC 5460
DB |||||
DB 5401 GATGCAATTAACCAATGATGCTTTCATCATTTGGAACCCGCTTGAATAAATCTTAAAC 5460
QY 5461 CATTGAGGCTGACCAATCCCTTGTGATCATGCGTGTGCTTCAATGCGGGATTAATCAAC 5520
DB |||||
DB 5461 CATTGAGGCTGACCAATCCCTTGTGATCATGCGTGTGCTTCAATGCGGGATTAATCAAC 5520
QY 5521 CCACTACTCAACAAATGATGCTTGTGATCATTTTGGAGGCGCAATTTGCGTCA 5580
DB |||||
DB 5521 CCACTACTCAACAAATGATGCTTGTGATCATTTTGGAGGCGCAATTTGCGTCA 5580
QY 5581 GCTTACAGAGCTGAGGCGCATGCGGCTTCAATGATGCGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCT 5640
DB |||||
DB 5581 GCTTACAGAGCTGAGGCGCATGCGGCTTCAATGATGCGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCT 5640
QY 5641 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5700
DB |||||
DB 5641 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5700
QY 5701 ATTCATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5760
DB |||||
DB 5701 ATTCATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5760
QY 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5820


```
Db 5761 TGTGCTTTAGTCACTCCGCGTCAATCCGCGCGAGAGTTGTGGCGGCTTGTGACG 5820
Qy 5821 TTGTCATGTTGCTTTGACAACAGCGGCGAGATCACTGCGCCAAAGACTCTTAC 5880
Db 5821 TTGTCATGTTGCTTTGACAACAGCGGCGAGATCACTGCGCCAAAGACTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTTGTAGAGCAACACTGTATGTATAGTACTTTATTTGCACTCGTGACATCCG 5940
Db 5881 TATGCTTGTAGAGCAACACTGTATGTATAGTACTTTATTTGCACTCGTGACATCCG 5940
Qy 5941 CAGAGAAATCTGGGCAATCTGAGGCACTACCCCTGAGGTCAATACGCTTGAT 6000
Db 5941 CAGAGAAATCTGGGCAATCTGAGGCACTACCCCTGAGGTCAATACGCTTGAT 6000
Qy 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGAGCGAGATGATGCGGCTCATTTGCGGCTTGAAGAT 6060
Db 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGAGCGAGATGATGCGGCTCATTTGCGGCTTGAAGAT 6060
Qy 6061 TTGTCAGTATGTGCAATTTCTTTGATTTGCTTTATGTCTTAAAGCTGAGATTCA 6120
Db 6061 TTGTCAGTATGTGCAATTTCTTTGATTTGCTTTATGTCTTAAAGCTGAGATTCA 6120
Qy 6121 GAGCATGTTTAACTTCTGCTGTTCTCTTTCTACAGCTGCCAAGAGGCTTCAAGGCC 6180
Db 6121 GAGCATGTTTAACTTCTGCTGTTCTCTTTCTACAGCTGCCAAGAGGCTTCAAGGCC 6180
Qy 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCCAGAGCAGCTGTCANCGGCTGCTGAATCATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCCAGAGCAGCTGTCANCGGCTGCTGAATCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGATGTTGTTTGGCAAACTTTTCAAGAGCCAGAACTTGTCAATTTACTGAG 6300
Db 6241 TGTGAGATGTTGTTTGGCAAACTTTTCAAGAGCCAGAACTTGTCAATTTACTGAG 6300
Qy 6301 AGGCGCTGTTCACTCAACGCTAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 6360
Db 6301 AGGCGCTGTTCACTCAACGCTAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 6360
Qy 6361 GACTAGCTTGTGCTCAATTTAGCGGCTTGAAGGACTACTGTTAATATGAAAGAGGAGA 6420
Db 6361 GACTAGCTTGTGCTCAATTTAGCGGCTTGAAGGACTACTGTTAATATGAAAGAGGAGA 6420
Qy 6421 TCACATTTTGTGTAAGAGATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGAGTCCGCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTGTAAGAGATCTCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGAGTCCGCCAAC 6480
Qy 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGGAACGCGCTTCAAGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGGAACGCGCTTCAAGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Qy 6541 AACTCTTTGAGCAATCTGCTTGTGCTGTTACGCTTCCGATGAGGTTAAATCTGTTAA 6600
Db 6541 AACTCTTTGAGCAATCTGCTTGTGCTGTTACGCTTCCGATGAGGTTAAATCTGTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCCGCTGTAAGCTTCAACACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCCGCTGTAAGCTTCAACACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 6660
Qy 6661 TGCACTTGAGCAATGACTGTAAATCCAAACAACTCTCTAGTATGAAAGCCGAGT 6720
Db 6661 TGCACTTGAGCAATGACTGTAAATCCAAACAACTCTCTAGTATGAAAGCCGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTTGTGTTTCAACAGAGGTTGCGGCTGTAACCAATTTGCTGAGGCAATTTTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTGTTTCAACAGAGGTTGCGGCTGTAACCAATTTGCTGAGGCAATTTTC 6780
Qy 6781 AGCTGGGCTTGAACCAACAGAGGCTGAGGCTTCACTGAGAGGATGAGTGAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGGGCTTGAACCAACAGAGGCTGAGGCTTCACTGAGAGGATGAGTGAAGAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTTCGGGCAAGAACTGCTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGCTCC 6900
Db 6841 GCGCAGTTCGGGCAAGAACTGCTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGCTCC 6900

Db 6841 GCGCAGTTCGGGCAAGAACTGCTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGCTCC 6900
Qy 6901 AGGAGTGTCACTGTCTTGAAGAGCTGCAACGAAGTGAACCCGTTAGAGAGTCTTCAAACT 6960
Db 6901 AGGAGTGTCACTGTCTTGAAGAGCTGCAACGAAGTGAACCCGTTAGAGAGTCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCTCTCTTCAACACTGCTTCTAAGTGGCCATGCGATGCGCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Db 6961 CCTCTCTTCAACACTGCTTCTAAGTGGCCATGCGATGCGCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTCTTCAACGCAATTTGATGTAAGTGAACCGAAACAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTCAACGCAATTTGATGTAAGTGAACCGAAACAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTAACCAAGTTTACCTTCCAAAAGAGGCTCTGTAATGCTAGACCAAAAGTTGCTGAC 7140
Db 7081 TTTAACCAAGTTTACCTTCCAAAAGAGGCTCTGTAATGCTAGACCAAAAGTTGCTGAC 7140
Qy 7141 GGTTCACACCGTTTCCAGCTTACGTTACTGACCCCGCTACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Db 7141 GGTTCACACCGTTTCCAGCTTACGTTACTGACCCCGCTACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTTCCACTGATGACGCCCCCGCCCAACGCGCTTACAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Db 7201 TTTCCACTGATGACGCCCCCGCCCAACGCGCTTACAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Qy 7261 TTTCCACTGATGACGCCCCCGCCCAACGCGCTTACAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGA 7320
Db 7261 TTTCCACTGATGACGCCCCCGCCCAACGCGCTTACAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGA 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTTGGGCTCATCTAGTGTCTTCTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTTGGGCTCATCTAGTGTCTTCTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTTGGGCTCATCTAGTGTCTTCTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTTGGGCTCATCTAGTGTCTTCTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCCCGGGAGTGGAGCTTGAAGAAACAAAGAGTCACTTAAATAGACAACTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCCCGGGAGTGGAGCTTGAAGAAACAAAGAGTCACTTAAATAGACAACTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCTCCATCATATACCAACGAGTGAAGTGTGCTTGAAGAGGCTTGAAGAGTGT 7500
Db 7441 GTTCCCTCCATCATATACCAACGAGTGAAGTGTGCTTGAAGAGGCTTGAAGAGTGT 7500
Qy 7501 CGGTGCTATGAGGACTATGATGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGT 7560
Db 7501 CGGTGCTATGAGGACTATGATGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGT 7560
Qy 7561 CCACTATACGCTCTTGGGCACTGATGTTGCTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCACTATACGCTCTTGGGCACTGATGTTGCTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGACTTGCAGAGTGTGAGGCAAGGAGTACGAGTCACTTATGCGGCAAACTGTGAT 7680
Db 7621 GGACTTGCAGAGTGTGAGGCAAGGAGTACGAGTCACTTATGCGGCAAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTCTTCTGTAAGACCCCGCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTCTTCTGTAAGACCCCGCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAGATGATGTTGTAAGAGTGTGTAAGAGTGTGTAAG 7800
Db 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAGATGATGTTGTAAGAGTGTGTAAGAGTGTGTAAG 7800
Qy 7801 TGCTCTGAGCTATGTTAAAGTGTATGAGAGTGTGAGAGTGTGAGAGTGTGAGAGTGT 7860
Db 7801 TGCTCTGAGCTATGTTAAAGTGTATGAGAGTGTGAGAGTGTGAGAGTGTGAGAGTGT 7860
Qy 7861 CCGTGTCAACGCTGCTGTTGTAAGTGTGTAAGTGTGTAAGTGTGTAAGTGTGTAAG 7920
Db 7861 CCGTGTCAACGCTGCTGTTGTAAGTGTGTAAGTGTGTAAGTGTGTAAGTGTGTAAG 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACCCGAGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACCCGAGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
```

QY 7981 AGCAGCTAACTCAGNAGCAACACCGAGCTGCACTTCAACACTTGGAGGCAAGTATA 8040
 DB 7981 AGCAGCTAACTCAGNAGCAACACCGAGCTGCACTTCAACACTTGGAGGCAAGTATA 8040
 QY 8041 CCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGCGGAGATCGGATATCTGAGTGTAGTGC 8100
 DB 8041 CCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGCGGAGATCGGATATCTGAGTGTAGTGC 8100
 QY 8101 TTCCGGCGCTCTACTACTCTCAAGTTTCAACAGTTTACCTCTGCTGAAGGTAAATGC 8160
 DB 8101 TTCCGGCGCTCTACTACTCTCAAGTTTCAACAGTTTACCTCTGCTGAAGGTAAATGC 8160
 QY 8161 TGCAGCCGAAACAGGCTGCGATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGATGATTCAC 8220
 DB 8161 TGCAGCCGAAACAGGCTGCGATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGATGATTCAC 8220
 QY 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGAGACAGATGAGACAAACAGCATGCTGTCTTTGCTAG 8280
 DB 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGAGACAGATGAGACAAACAGCATGCTGTCTTTGCTAG 8280
 QY 8281 CTGGATGAAGGTGATGAGTGCACACACAGATTTGTCTCTCAACCCAAATACATTTGGA 8340
 DB 8281 CTGGATGAAGGTGATGAGTGCACACACAGATTTGTCTCTCAACCCAAATACATTTGGA 8340
 QY 8341 AGAATTTAATGATGCTCATCTCAATGTTACTCTGGAATTTACCAAAAGGCGACCTTA 8400
 DB 8341 AGAATTTAATGATGCTCATCTCAATGTTACTCTGGAATTTACCAAAAGGCGACCTTA 8400
 QY 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGATCTCCCTTGGCAGTGTCTGCGAGGCTCTGGG 8460
 DB 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGATCTCCCTTGGCAGTGTCTGCGAGGCTCTGGG 8460
 QY 8461 ATACAAACCCCAAGTCTGCTGATGAGTGGTATCTAATACATCACTACCAATGTTTGGGT 8520
 DB 8461 ATACAAACCCCAAGTCTGCTGATGAGTGGTATCTAATACATCACTACCAATGTTTGGGT 8520
 QY 8521 TAGCCGTGTTGGCTGCTCATTTTCAATGAGAGAGATGCTTTGAGAGAACTTCCCGA 8580
 DB 8521 TAGCCGTGTTGGCTGCTCATTTTCAATGAGAGAGATGCTTTGAGAGAACTTCCCGA 8580
 QY 8581 GACGAGTGAACCTTGAATGATGAGAAATTAATACGTCCTGTAGAGATCTGCCAG 8640
 DB 8581 GACGAGTGAACCTTGAATGATGAGAAATTAATACGTCCTGTAGAGATCTGCCAG 8640
 QY 8641 CATCATTTGCTGTGTCACGATATTGAGGCTTCTCGGTGTGCTCAACCAACCTGA 8700
 DB 8641 CATCATTTGCTGTGTCACGATATTGAGGCTTCTCGGTGTGCTCAACCAACCTGA 8700
 QY 8701 GATCTCAAGATTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGACCTCCCTGAGCTGGGG 8760
 DB 8701 GATCTCAAGATTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGACCTCCCTGAGCTGGGG 8760
 QY 8761 AAAGAAGCAAGGCGGTCTCGCCAGCCCAAGAGCGTGGCGAGACACGCAAAAT 8820
 DB 8761 AAAGAAGCAAGGCGGTCTCGCCAGCCCAAGAGCGTGGCGAGACACGCAAAAT 8820
 QY 8821 GAGTGTCTTCTCTGTGAGTCAATCTAGACCTCTACAGATTTGATTAAGCGAG 8880
 DB 8821 GAGTGTCTTCTCTGTGAGTCAATCTAGACCTCTACAGATTTGATTAAGCGAG 8880
 QY 8881 CGTGGCTGGTACACACTTTCAATATGATGATTTTCTCCCGGAGGCGGATGTT 8940
 DB 8881 CGTGGCTGGTACACACTTTCAATATGATGATTTTCTCCCGGAGGCGGATGTT 8940
 QY 8941 TATTACACACAGAGAAGATTGAGAAATTTCTGTGAATTTGGCTGTCAATGTTT 9000
 DB 8941 TATTACACACAGAGAAGATTGAGAAATTTCTGTGAATTTGGCTGTCAATGTTT 9000
 QY 9001 TGCCTAGAGGCTCATTTGCTGTGATTTAGCATCAGCTGAAACCCCAAAATTTAA 9060
 DB 9001 TGCCTAGAGGCTCATTTGCTGTGATTTAGCATCAGCTGAAACCCCAAAATTTAA 9060

QY 9061 CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCGGCAACAGGGAGACCCCGGC 9120
 DB 9061 CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCGGCAACAGGGAGACCCCGGC 9120
 QY 9121 TTAACGACCCCGCATGTGAGTTGGCGACCATGTGTGATCAAAACGTTTGGGTGA 9180
 DB 9121 TTAACGACCCCGCATGTGAGTTGGCGACCATGTGTGATCAAAACGTTTGGGTGA 9180
 QY 9181 GCGATGTCTGAAGGGAGTGAACGTCCTTGGCTCATCAACAAACCGTCTGGGTGG 9240
 DB 9181 GCGATGTCTGAAGGGAGTGAACGTCCTTGGCTCATCAACAAACCGTCTGGGTGG 9240
 QY 9241 GTGAGAGTCTGCTGTGTGGAGACAGTCAATTAATCCGTCGTGTGTGAGCC 9300
 DB 9241 GTGAGAGTCTGCTGTGTGGAGACAGTCAATTAATCCGTCGTGTGTGAGCC 9300
 QY 9301 CTCACAGATTTTGTCTGTGTGAGAGCGTATGACAAAGGCTGACACCCGGTTTTG 9360
 DB 9301 CTCACAGATTTTGTCTGTGTGAGAGCGTATGACAAAGGCTGACACCCGGTTTTG 9360
 QY 9361 TTCCAAAGCGAGGCAACCCCGCTTGAATTAATACT 9399
 DB 9361 TTCCAAAGCGAGGCAACCCCGCTTGAATTAATACT 9399

RESULT 2
 AX057392
 LOCUS AX057392 9399 bp DNA linear PAT 17-JUN-2001
 DEFINITION Sequence 1 from Patent WO0075337.
 ACCESSION AX057392
 VERSION AX057392.1 GI:12310132
 KEYWORDS

SOURCE
 ORGANISM
 Hepatitis GB virus B
 Viruses; ssRNA positive-strand viruses, no DNA stage; Flaviviridae.

REFERENCE
 1 Bukh, J., Yanagi, M., Emerson, S. U. and Purcell, R. H.
 Infectious cdna clone of gb virus b and uses thereof
 Patent: WO 0075337-A. 1. 14-DEC-2000;

JOURNAL
 THE GOVERNMENT OF THE UNITED STATES OF AMERICA (US)

FEATURES
 source
 1..9399
 Location/Qualifiers

ORIGIN
 1..9399
 /organism="Hepatitis GB virus B"
 /mol_type="unassigned DNA"
 /db_xref="taxon:39113"

Query Match 99.9%; Score 9386.2; DB 6; Length 9399;
 Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
 Matches 9391; Conservative 0; Mismatches 8; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ACCAACAACCTCCAGTTGTTTACACTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTGAG 60
 DB 1 ACCAACAACCTCCAGTTGTTTACACTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTGAG 60
 QY 61 CAGGGGCTGGGGGATTTCCCTGCGCTGAGAAAGGGTGAAGCAACCACTTGAAT 120
 DB 61 CAGGGGCTGGGGGATTTCCCTGCGCTGAGAAAGGGTGAAGCAACCACTTGAAT 120
 QY 121 GTAGGGGCGGAGCTCATAGACGCTCGTGAATGACAAAGCGCAAGCTTGAATGAG 180
 DB 121 GTAGGGGCGGAGCTCATAGACGCTCGTGAATGACAAAGCGCAAGCTTGAATGAG 180
 QY 181 CCGATGAGCGCTTCATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 240
 DB 181 CCGATGAGCGCTTCATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 240
 QY 241 CCGATGAGCGCTTCATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 300
 DB 241 CCGATGAGCGCTTCATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 300
 QY 301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCGCTCGGAAAGTATTGGGCAAGCCACTAATATGTGT 360
 DB 301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCGCTCGGAAAGTATTGGGCAAGCCACTAATATGTGT 360

Db 301 CAGACTCTTTTGGATATACGCGCTCCGGAAGTAGTGGGCAAGCCACTATATGT 360
Qy 361 TGGAGTGGTGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT 420
Db 361 TGGATGGTGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT 420
Qy 421 CTGGAGTCTGTGATGACCGTAGACATGCTGTTATTTTCTCAACAAAGTCTGTACC 480
Db 421 CTGGAGTCTGTGATGACCGTAGACATGCTGTTATTTTCTCAACAAAGTCTGTACC 480
Qy 481 TGGGCCAGAAAGCGGGAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 540
Db 481 TGGGCCAGAAAGCGGGAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 540
Qy 541 ATCTGTGAAAGGGGAGCAAGAGCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 600
Db 541 ATCTGTGAAAGGGGAGCAAGAGCAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 600
Qy 601 TTACAAATTTGCTGTATTCATGATGAGCTTGACAGACATTTGAGCTGCTTGGCAGC 660
Db 601 TTACAAATTTGCTGTATTCATGATGAGCTTGACAGACATTTGAGCTGCTTGGCAGC 660
Qy 661 TCAATGTTGGGAGAGCCAAAGCCCTGCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGATCTTGGCA 720
Db 661 TCAATGTTGGGAGAGCCAAAGCCCTGCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGATCTTGGCA 720
Qy 721 TTAACCTTTTGGGGTGTATGATGATTTTACACTCACACACTCTAGTAGAGCCGCTGAT 780
Db 721 TTAACCTTTTGGGGTGTATGATGATTTTACACTCACACACTCTAGTAGAGCCGCTGAT 780
Qy 781 GGGAGAGAGCGGTGCTTGACAGTCTGACAGATAGTACGCTTGCTGAGAGAGAGTCA 840
Db 781 GGGAGAGAGCGGTGCTTGACAGTCTGACAGATAGTACGCTTGCTGAGAGAGTCA 840
Qy 841 CTGGGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
Qy 901 TCCCTGTATGAGGAGCGGGGTCACTGACAGAGCAACAAATACCAATCTGACCAATTG 960
Db 901 TCCCTGTATGAGGAGCGGGGTCACTGACAGAGCAACAAATACCAATCTGACCAATTG 960
Qy 961 CTGCGACAGCTAATCAGGTTATCTAATGTTCTCTTCCACTTGCTACAGAGCTGATG 1020
Db 961 CTGCGACAGCTAATCAGGTTATCTAATGTTCTCTTCCACTTGCTACAGAGCTGATG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGGAGAGAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGAGAGAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1080
Qy 1081 TTGGAGCTGAGAGAGAGCTCTTCTTGGCTGACCAATTGATTTTGTATGGGCGCTGTG 1140
Db 1081 TTGGAGCTGAGAGAGAGCTCTTCTTGGCTGACCAATTGATTTTGTATGGGCGCTGTG 1140
Qy 1141 GACCTGTGAGCGCTTGACATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
Db 1141 GACCTGTGAGCGCTTGACATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
Qy 1201 GCTTGTACAGGACTGTGTTATTCATACATAGCTCAATGAACCTGTGTAACCTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTACAGGACTGTGTTATTCATACATAGCTCAATGAACCTGTGTAACCTGGA 1260
Qy 1261 AGTGCCCACTGAATAGATCTGGGTTCTAAGGTTTATGGGTTGATGGCGGCAAGGT 1320
Db 1261 AGTGCCCACTGAATAGATCTGGGTTCTAAGGTTTATGGGTTGATGGCGGCAAGGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAAAGTGTCTTCAAAAGTACATAGCTATTTGCACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAAAGTGTCTTCAAAAGTACATAGCTATTTGCACTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGAGAGTACACTACTGCGGTTGGCGCTGTGATCTACTATGCTCTGCGGAGCA 1440
Db 1381 GTTTAGAGAGTACACTACTGCGGTTGGCGCTGTGATCTACTATGCTCTGCGGAGCA 1440

Qy 1441 GTGTATCAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTATCATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1500
Db 1441 GTGTATCAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTATCATAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1500
Qy 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTTGTGCTGCTTGTATGATGATGATG 1560
Db 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTTGTGCTGCTTGTATGATGATGATG 1560
Qy 1561 TTGCCACTCTTATTTAGAGTGAATGTGAGAGATGATGAGAGATGATGAGAGATGAG 1620
Db 1561 TTGCCACTCTTATTTAGAGTGAATGTGAGAGATGATGAGAGATGATGAGAGATGAG 1620
Qy 1621 CAGGCTATACCTCTAGATATTAACATCTCATATCTTGTATGCTGCTGCTGCTGCTG 1680
Db 1621 CAGGCTATACCTCTAGATATTAACATCTCATATCTTGTATGCTGCTGCTGCTGCTG 1680
Qy 1681 TGGAGAGAGATGATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740
Db 1681 TGGAGAGAGATGATGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1740
Qy 1741 TGTGCAATGCTATGCTGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1800
Db 1741 TGTGCAATGCTATGCTGATGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACATGCTTAAACATGCTTAAACATGCTTAAACATGCTTAA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACATGCTTAAACATGCTTAAACATGCTTAAACATGCTTAA 1860
Qy 1861 ATTGCTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
Db 1861 ATTGCTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1920
Qy 1921 AGGCTATTTGTATTTTGAAGGATCAATACCTTATAGTTTACTTTATACCTTGTGAA 1980
Db 1921 AGGCTATTTGTATTTTGAAGGATCAATACCTTATAGTTTACTTTATACCTTGTGAA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTACACAG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTACACAG 2040
Qy 2041 TGGTCTTGTATGAGGTTCCGCAAGGTTTATCAATGATGTAAGAGAGAGAGAGAG 2100
Db 2041 TGGTCTTGTATGAGGTTCCGCAAGGTTTATCAATGATGTAAGAGAGAGAGAGAG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACCAAG 2160
Db 2101 ATTGATCAACCAAG 2160
Qy 2161 TTTGTCTTTACGAGAGTTACACCAAGGCGGTGCTAAATCTGTTGGGTTGTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCTTTACGAGAGTTACACCAAGGCGGTGCTAAATCTGTTGGGTTGTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTTAAAGCTTACTGTTATCTTGTCCCTTGTGTTGGGCGGCTT 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTTAAAGCTTACTGTTATCTTGTCCCTTGTGTTGGGCGGCTT 2280
Qy 2281 TGGTATACCTTTGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2340
Db 2281 TGGTATACCTTTGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2340
Qy 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTATGCTCTTGTGCTTGAATTTTCTTCAATGCTATGCTAC 2400
Db 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTATGCTCTTGTGCTTGAATTTTCTTCAATGCTATGCTAC 2400
Qy 2401 CTGACAGCTATGATGATGCTGCTTGTAGAGTTTGTGCCATGCTGCGGCTTGCCTT 2460
Db 2401 CTGACAGCTATGATGATGCTGCTTGTAGAGTTTGTGCCATGCTGCGGCTTGCCTT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTTGTGAGAGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTTGTGAGAGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2520

QY 2521 AGTGCAGGTTAGTATTTGTGGCCGGCCGTAACCGTGGTCAACCGCATAGCTTGCTTGT 2580
Db 2521 AGTGCAGGTTAGTATTTGTGGCCGGCCGTAACCGTGGTCAACCGCATAGCTTGCTTGT 2580
QY 2581 AGGTCTTGCGCTCTGTAGGCGCTTTTAAACCTCTTGCAATTGGTTAGCGCTTGCAAGC 2640
Db 2581 AGGTCTTGCGCTCTGTAGGCGCTTTTAAACCTCTTGCAATTGGTTAGCGCTTGCAAGC 2640
QY 2641 TTTTGAATCCGAGATAATTGGAGGGCTGACAATACACCTGATAGAGATTAGTTGTGAT 2700
Db 2641 TTTTGAATCCGAGATAATTGGAGGGCTGACAATACACCTGATAGAGATTAGTTGTGAT 2700
QY 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTCACTGTGTAACCTGCTGTGCTTGTAGTTAACTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTCACTGTGTAACCTGCTGTGCTTGTAGTTAACTCTATCT 2760
QY 2761 TTGGCAAGTTGGAGAAATTGGTTTGGAACTTACACTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTTGGAGAAATTGGTTTGGAACTTACACTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGTGCTGGTTGTTCCTCCGGGCGACATATGACGGCTGTGACTTCTGTGTGTGCA 2880
Db 2821 TGTGCTGGTTGTTCCTCCGGGCGACATATGACGGCTGTGACTTCTGTGTGTGCA 2880
QY 2881 CGTACCTCTTCTATGTTTTAAACATCCAGTGCAGCATCGTTCCTTGGGACTGACTAGGAT 2940
Db 2881 CGTACCTCTTCTATGTTTTAAACATCCAGTGCAGCATCGTTCCTTGGGACTGACTAGGAT 2940
QY 2941 TAGGCCCCATAGAAATGTTGGTGGCTGTGGGAAAGTGTCACTGTTGGTATTTCTATATGT 3000
Db 2941 TAGGCCCCATAGAAATGTTGGTGGCTGTGGGAAAGTGTCACTGTTGGTATTTCTATATGT 3000
QY 3001 TCTTAAAGTTTTCCTTTAGTGTGGTGAAGATGGTGTGTTTCTATAGCACTTGCA 3060
Db 3001 TCTTAAAGTTTTCCTTTAGTGTGGTGAAGATGGTGTGTTTCTATAGCACTTGCA 3060
QY 3061 TGTGATGTCTTGCCCTAATGATTTTGTGCTGAAACTACCATTTGCAAGGCCATTTTCCC 3120
Db 3061 TGTGATGTCTTGCCCTAATGATTTTGTGCTGAAACTACCATTTGCAAGGCCATTTTCCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAAACGCTTGGCTGTGGGAAAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAAACGCTTGGCTGTGGGAAAC 3180
QY 3181 GGTGATAGTTTGGCCGCTGTTGGCGGTCTGCGGCACTTGTGTCAGGGTTGGCTAT 3240
Db 3181 GGTGATAGTTTGGCCGCTGTTGGCGGTCTGCGGCACTTGTGTCAGGGTTGGCTAT 3240
QY 3241 GCGCAGATGGGTGGCCATTACCGCACTTTTACGTCGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
Db 3241 GCGCAGATGGGTGGCCATTACCGCACTTTTACGTCGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
QY 3301 CACGCTGTACGAGTGGCAGTGTCTATGACTGTATAGACCCCGCACTTGGACTGGAAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTACGAGTGGCAGTGTCTATGACTGTATAGACCCCGCACTTGGACTGGAAAC 3360
QY 3361 TATCTTCAATTAAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAATTAAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
QY 3421 GTATATCTGCTACCATGAGCAAGAGGGGCGCGTGGTGCATCCCAAGGCTCTATAGA 3480
Db 3421 GTATATCTGCTACCATGAGCAAGAGGGGCGCGTGGTGCATCCCAAGGCTCTATAGA 3480
QY 3481 CCCAATPACCGTTGACGCGGCTATATGACAGACATCTATCAACCACTGTGGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATPACCGTTGACGCGGCTATATGACAGACATCTATCAACCACTGTGGAGCTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTATCTCGGTGCTTGTGGGGGAGCAAGGGGATCTGGTAAACGACTGGGGTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTATCTCGGTGCTTGTGGGGGAGCAAGGGGATCTGGTAAACGACTGGGGTTC 3600
QY 3601 ATTGTTGAGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGGCGGGCCCTTCCAT 3660

Db 3601 ATTGTTGAGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGGCGGGCCCTTCCAT 3660
QY 3661 GGTGTTGCAAGGGTCTTTCAGGTGCCCCCATTTCTGTCTCTCCGGGCAATGTTATTTGG 3720
Db 3661 GGTGTTGCAAGGGTCTTTCAGGTGCCCCCATTTCTGTCTCTCCGGGCAATGTTATTTGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACGCTCTAGAAATTTCTGGCGGTTTCAAGTCAAGTATAGGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACGCTCTAGAAATTTCTGGCGGTTTCAAGTCAAGTATAGGGTTAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTCTGGATACCATTTCCCAATGACAGCAATCCACTCTTGATATCAAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTCTGGATACCATTTCCCAATGACAGCAATCCACTCTTGATATCAAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTACAGATATTCAAGTCAAAATTTTATTTGCCCCCACTGGCAGCGCACTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTACAGATATTCAAGTCAAAATTTTATTTGCCCCCACTGGCAGCGCACTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGAGATAGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGAGATAGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGTATCAACAGCATCAATGCCAAAGTACATGACGCGGCTGAGGCTGAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGTATCAACAGCATCAATGCCAAAGTACATGACGCGGCTGAGGCTGAATCCAAATTTG 4020
QY 4021 CTATTTTATGCAAAATGTACCAACACAGGGCTTCACTTACGTAACAGACATATGAGAT 4080
Db 4021 CTATTTTATGCAAAATGTACCAACACAGGGCTTCACTTACGTAACAGACATATGAGAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGACATATGATATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGACATATGATATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGCAACACCGGTGTTGGGATTTGGAAGGTCCTAACCGAAGCTCCATCCAAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGGTGTTGGGATTTGGAAGGTCCTAACCGAAGCTCCATCCAAAAA 4200
QY 4201 TGTGAGCTAGGTGTTCTTGGCAACGGCTACCCCTGAGAGTATCCCTACACACATGC 4260
Db 4201 TGTGAGCTAGGTGTTCTTGGCAACGGCTACCCCTGAGAGTATCCCTACACACATGC 4260
QY 4261 CAACATPACATGATTAATTAACGATGAAAGGCACTATCCCTTTTATGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATPACATGATTAATTAACGATGAAAGGCACTATCCCTTTTATGAAAAAGAT 4320
QY 4321 TAAAGAGAAAAATGGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTACCAAAAACACTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAAAATGGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTACCAAAAACACTG 4380
QY 4381 TGATGAGCTTGCTTACAGATTTAGCTGAAAGGGAATTAACGCTGTCTTACTATAGGG 4440
Db 4381 TGATGAGCTTGCTTACAGATTTAGCTGAAAGGGAATTAACGCTGTCTTACTATAGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGATGATGTTGCCACTGATGCCCTTGG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGATGATGTTGCCACTGATGCCCTTGG 4500
QY 4501 TACAGGATACATGGTGAATTTGATTCGCTGATACCTGACACCTCATGATGAAAGCAC 4560
Db 4501 TACAGGATACATGGTGAATTTGATTCGCTGATACCTGACACCTCATGATGAAAGCAC 4560
QY 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACTTTCACATGGGTGTTGCTGTGTGGGGTTTCAAC 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACTTTCACATGGGTGTTGCTGTGTGGGGTTTCAAC 4620
QY 4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTGAAGGGCGCACAGGGCGTGGAGAGCTGGCATATCTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTGAAGGGCGCACAGGGCGTGGAGAGCTGGCATATCTACTA 4680
QY 4681 TGTAGACGGGATTTGATCCCTTGGGATATGATTCCTGAATGAATGTTGAAGCTTT 4740

Dh 4681 TGTAGACGGAGTTGTATCCCTTGGGTATGTTCTGATGCAACATTTGTGAACCTT 4740
Qy 4741 CGAGCGACCGCAAGCATGTATGTTGTTCATCAACAGAGCTCAAACTATTCTGACAC 4800
Dh 4741 CGAGCGACCGCAAGCATGTATGTTGTTCATCAACAGAGCTCAAACTATTCTGACAC 4800
Qy 4801 CTATGCAACCCAACTGGGTATCTGCGATATGAGCAAAATTTGACAGATGGCTGATCT 4860
Dh 4801 CTATGCAACCCAACTGGGTATCTGCGATATGAGCAAAATTTGACAGATGGCTGATCT 4860
Qy 4861 CTTTCTATGTTCAACCCCGAAGCTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Dh 4861 CTTTCTATGTTCAACCCCGAAGCTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTATGTTTGTGATGCTGACGCCCACTACATGTTGATCATGATGAGCTATGCTGCTCC 4980
Dh 4921 TTATGTTTGTGATGCTGACGCCCACTACATGTTGATCATGATGAGCTATGCTGCTCC 4980
Qy 4981 CAATGACGCAACGAGTGGCAGGAGGCCGGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
Dh 4981 CAATGACGCAACGAGTGGCAGGAGGCCGGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
Qy 5041 GCGCTTGGAGCGGCGCTGACGCTGCTCCGCGCCAGAGCCGAGAGGTGACCAATACCA 5100
Dh 5041 GCGCTTGGAGCGGCGCTGACGCTGCTCCGCGCCAGAGCCGAGAGGTGACCAATACCA 5100
Qy 5101 AATGTCCTTCACTGAAGTCAATACCTTCTGGAGACGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
Dh 5101 AATGTCCTTCACTGAAGTCAATACCTTCTGGAGACGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
Qy 5161 GGTATGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGTGCTG 5220
Dh 5161 GGTATGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGTGCTG 5220
Qy 5221 TATTGTCATCACTCCCTACCGGTGCTACTGTGCCCCAGTGGTTGACGAAAGAAATGCT 5280
Dh 5221 TATTGTCATCACTCCCTACCGGTGCTACTGTGCCCCAGTGGTTGACGAAAGAAATGCT 5280
Qy 5281 GGAGAGGTGTCATCATTTCCCTTGGAGGCCAGTGGTGTGCAATTCGATAGCTGAA 5340
Dh 5281 GGAGAGGTGTCATCATTTCCCTTGGAGGCCAGTGGTGTGCAATTCGATAGCTGAA 5340
Qy 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCCCTTTCACATTTGGAACCGCCCTTGAAGAAACTTAAAC 5400
Dh 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCCCTTTCACATTTGGAACCGCCCTTGAAGAAACTTAAAC 5400
Qy 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGCTTACATCTTGTCTATCATATGATATTTGCTGTGTTAGT 5460
Dh 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGCTTACATCTTGTCTATCATATGATATTTGCTGTGTTAGT 5460
Qy 5461 CACTTTACTGACATCCCTTGTGATCATATGCTGTGTTGCTTCAATGGGGTATTACTAC 5520
Dh 5461 CACTTTACTGACATCCCTTGTGATCATATGCTGTGTTGCTTCAATGGGGTATTACTAC 5520
Qy 5521 CCCACTACTGACAAAGTCAAAATGTTCTGTCTATATTTGGAAGCCCAATTTGCTCAA 5580
Dh 5521 CCCACTACTGACAAAGTCAAAATGTTCTGTCTATATTTGGAAGCCCAATTTGCTCAA 5580
Qy 5581 GCTTACAGACGCTAGAGCGCAGCTGGCGTTATATGAGCGGGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Dh 5581 GCTTACAGACGCTAGAGCGCAGCTGGCGTTATATGAGCGGGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Qy 5641 TGTGACATGACATCGGTGGTGTGTTGTCTTGTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCTC 5700
Dh 5641 TGTGACATGACATCGGTGGTGTGTTGTCTTGTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCTC 5700
Qy 5701 ATTCAGTCTGCTGATCAATTAATGCTTATGAGTGGTGGCCCACTATGATCACT 5760
Dh 5701 ATTCAGTCTGCTGATCAATTAATGCTTATGAGTGGTGGCCCACTATGATCACT 5760
Qy 5761 TGTGCTTGTAGTCACTCCGCTTCAATCCGCGCAGAGAGTTGTGGCGCTTGTGACG 5820
Dh 5761 TGTGCTTGTAGTCACTCCGCTTCAATCCGCGCAGAGAGTTGTGGCGCTTGTGACG 5820

Qy 5821 TTGTGCAATGTTGCTTTGACAAACAGAGGCGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Dh 5821 TTGTGCAATGTTGCTTTGACAAACAGAGGCGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTTGTAGAGACCAACTGTATGTATGATGACTTTATTTGCACTCTGTGACATCCG 5940
Dh 5881 TATGCTTGTAGAGACCAACTGTATGTATGATGACTTTATTTTCCACTCTGTGACATCCG 5940
Qy 5941 CAGAAAGATACCTGGGCAATTTCTGAGAGCATCAACCCCTGAGGTGATATGAGCTTGCAT 6000
Dh 5941 CAGAAAGATACCTGGGCAATTTCTGAGAGCATCAACCCCTGAGGTGATATGAGCTTGCAT 6000
Qy 6001 CCGTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATTTGGGCGCTCAATTCCTTGGGGCTTAGAGAT 6060
Dh 6001 CCGTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATTTGGGCGCTCAATTCCTTGGGGCTTAGAGAT 6060
Qy 6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCTTTAATGTCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Dh 6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCTTTAATGTCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Qy 6121 GAGCATGTTAATCAATTCCTGTTGTCTTTCTACAGCTGCCAGAGGGGTCAAGGGCC 6180
Dh 6121 GAGCATGTTAATCAATTCCTGTTGTCTTTCTTTCTACAGCTGCCAGAGGGGTCAAGGGCC 6180
Qy 6181 CTGATGTTGATCAGATATGCTCCAGACGCTGTCCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTC 6240
Dh 6181 CTGATGTTGATCAGATATGCTCCAGACGCTGTCCAGACGCTGTCCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGATGATGTTTGCAAAACCTTTAACAAGACCCAGAACTTGTCAATTAAGTGGAG 6300
Dh 6241 TGTGAGATGATGTTTGCAAAACCTTTAACAAGACCCAGAACTTGTCAATTAAGTGGAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTCCAGTCAACGCTAGCGGTGTGGGTGGCTGAGACCCAGCACTGATGTG 6360
Dh 6301 AGGGGCTGTCCAGTCAACGCTAGCGGTGTGGGTGGCTGAGACCCAGCACTGATGTG 6360
Qy 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGAGCGTTAAGGACCTACTGTAATATGAGAAATGGAGAG 6420
Dh 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGAGCGTTAAGGACCTACTGTAATATGAGAAATGGAGAG 6420
Qy 6421 TCACATTTTGTATACAGCAGATATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCAAGGCGCCCAAC 6480
Dh 6421 TCACATTTTGTATACAGCAGATATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCAAGGCGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGAGCGGCGGTACAGGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCCA 6540
Dh 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGAGCGGCGGTACAGGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCCA 6540
Qy 6541 AACTCCTTGGACGATCTGCTGTGTACGGTCTGACGCTAAGGTTAAACCTGTTAA 6600
Dh 6541 AACTCCTTGGACGATCTGCTGTGTGTACGGTCTGACGCTAAGGTTAAACCTGTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCCGCTGAGCGGTCAACACCTGTGTGCGCATGCACTTAAATTTGCGTGA 6660
Dh 6601 GCTTCCCTTCCGCTGAGCGGTCAACACCTGTGTGCGCATGCACTTAAATTTGCGTGA 6660
Qy 6661 TGCATTTGAGCAAAATACCTGTATTTCCACAAACAAACATCTGTATGATGAAAGCCGAGT 6720
Dh 6661 TGCATTTGAGCAAAATACCTGTATTTCCACAAACAAACATCTGTATGATGAAAGCCGAGT 6720
Qy 6721 GTCGCGCTGTTTTCAAAACAGAGGTTGCGGCGGTACAAACCAATTTGCTGAGGCAATTC 6780
Dh 6721 GTCGCGCTGTTTTCAAAACAGAGGTTGCGGCGGTACAAACCAATTTGCTGAGGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGCGTTGACACCAACCAACTGCGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTGTAGAAA 6840
Dh 6781 AGCTGCGTTGACACCAACCAACTGCGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTGTAGAAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTAACTTGTGCTTCCCTCCGAGATCCGTGCC 6900
Dh 6841 GCGCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTAACTTGTGCTTCCCTCCGAGATCCGTGCC 6900

QY 6901 AGAGGTGATGATGCTGTAAGAGCCGTCGACGAAAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTCTTCAAAACCT 6960
| | | | |
Db 6901 AGAGGTGATGATGCTGTAAGAGCCGTCGACGAAAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTCTTCAAAACCT 6960
QY 6961 CCCCTCTTGACCAACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCCCCCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
| | | | |
Db 6961 CCCCTCTTGACCAACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCCCCCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
QY 7021 GTGTAAACCTTTTCACTGCAATTGGATGTGCAATGACCCGAAACAGGCGGAGGCCCTGATGA 7080
| | | | |
Db 7021 GTGTAAACCTTTTCACTGCAATTGGATGTGCAATGACCCGAAACAGGCGGAGGCCCTGATGA 7080
QY 7081 TTATCCAGATTACCCCTCCCAAAAGAGGCTCTGTAATGTCGACGAAAGTTGGTCGAC 7140
| | | | |
Db 7081 TTATCCAGATTACCCCTCCCAAAAGAGGCTCTGTAATGTCGACGAAAGTTGGTCGAC 7140
QY 7141 GGCTACAAACGCTTTCAGGCTACGTTACTGCCCCCGCTACCCCTAAGATACGCGGAAAGGA 7200
| | | | |
Db 7141 GGCTACAAACGCTTTCAGGCTACGTTACTGCCCCCGCTACCCCTAAGATACGCGGAAAGGA 7200
QY 7201 TTCCACTGACTGACGCCCGCCCAACGCGCTTACAAAAAGAAAGTTGGGAAAGATGATG 7260
| | | | |
Db 7201 TTCCACTGACTGACGCCCGCCCAACGCGCTTACAAAAAGAAAGTTGGGAAAGATGATG 7260
QY 7261 TTTCGACAGATGAGCTACACCTGACGACGAGGATTAAGCTTCAAAACGCTTCTTAAAGT 7320
| | | | |
Db 7261 TTTCGACAGATGAGCTACACCTGACGACGAGGATTAAGCTTCTTAAAGT 7320
QY 7321 TCTGTGCAACTCGGAGCCATCACTAGTGGTTTCTCAAAACAAAGATCAATTGGTATGT 7380
| | | | |
Db 7321 TCTGTGCAACTCGGAGCCATCACTAGTGGTTTCTCAAAACAAAGATCAATTGGTATGT 7380
QY 7381 GACTGAGCCCGGGAGTGGGAGCTTGAAACAAAAAGTCACTATTAATAGACACTCT 7440
| | | | |
Db 7381 GACTGAGCCCGGGAGTGGGAGCTTGAAACAAAAAGTCACTATTAATAGACACTCT 7440
QY 7441 GTTCCCCCATCATACACAGCAAGTGAATGGTGTAGGAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
| | | | |
Db 7441 GTTCCCCCATCATACACAGCAAGTGAATGGTGTAGGAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
QY 7501 CGGTGATGATGGAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
| | | | |
Db 7501 CGGTGATGATGGAATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
QY 7561 CCAATCATCTGGCTTGGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGCAAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
| | | | |
Db 7561 CCAATCATCTGGCTTGGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGCAAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
QY 7621 GGACTGCAAGAGTGTGAGGAGGAGTGAATACCGAGTCATTTATCGGCAACCTGTGAT 7680
| | | | |
Db 7621 GGACTGCAAGAGTGTGAGGAGGAGTGAATACCGAGTCATTTATCGGCAACCTGTGAT 7680
QY 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTCTTCTGTAAGACCCCCGAAACCAACAAAGAAACCCCCAG 7740
| | | | |
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTCTTCTGTAAGACCCCCGAAACCAACAAAGAAACCCCCAG 7740
QY 7741 GCTTATCTGATACCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7800
| | | | |
Db 7741 GCTTATCTGATACCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7800
QY 7801 TGCTCTGAGATGATTAAGCTGTCAATGGGAGATGGGTAAGGCTTGTGATGATCACTGAC 7860
| | | | |
Db 7801 TGCTCTGAGATGATTAAGCTGTCAATGGGAGATGGGTAAGGCTTGTGATGATCACTGAC 7860
QY 7861 CCGTGTCAAGCGCTCTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
| | | | |
Db 7861 CCGTGTCAAGCGCTCTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
QY 7921 AGTGTGTTTGAAGATCAACACCCGAGATATCATGTTGGAGACAGACATCTTACTC 7980
| | | | |
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGATCAACACCCGAGATATCATGTTGGAGACAGACATCTTACTC 7980
QY 7981 AGAGCTAAACTCAGTGAACCAACCGAGGTGCTATCAACATTTGCGAGGAGATTATA 8040
| | | | |

Db 7981 AGAGCTAAACTCAGTGAACCAACCGAGGTGCTATCAACATTTGCGAGGAGATTATA 8040
| | | | |
QY 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100
| | | | |
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100
QY 8101 TTCCGGCGCTATATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8160
| | | | |
Db 8101 TTCCGGCGCTATATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8160
QY 8161 TGACCCGACAGAGCGCTGACATGAAAGCCCTGCTTCTTATTTGGGCGGATGATGATGAC 8220
| | | | |
Db 8161 TGACCCGACAGAGCGCTGACATGAAAGCCCTGCTTCTTATTTGGGCGGATGATGATGAC 8220
QY 8221 CGTAAATTTGAAAGCGCGGAGCAGATGACAGACAAACAGCAATGCGTGTCTTGTCTG 8280
| | | | |
Db 8221 CGTAAATTTGAAAGCGCGGAGCAGATGACAGACAAACAGCAATGCGTGTCTTGTCTG 8280
QY 8281 CTGATGAAAGGATGAGGAGCACAAGATTTGTGCTCAACCCAAATACGATTGGA 8340
| | | | |
Db 8281 CTGATGAAAGGATGAGGAGCACAAGATTTGTGCTCAACCCAAATACGATTGGA 8340
QY 8341 AGAATTTAACATCATGCTCATCAATGTTAACCCTGGAATTTACAAAGTGCGAAGCTTTA 8400
| | | | |
Db 8341 AGAATTTAACATCATGCTCATCAATGTTAACCCTGGAATTTACAAAGTGCGAAGCTTTA 8400
QY 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGATATCCCTTGGCAGGTCTCTGCCAGGCTTGGG 8460
| | | | |
Db 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGATATCCCTTGGCAGGTCTCTGCCAGGCTTGGG 8460
QY 8461 ATACAAACCCAGTGTGGTGGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8520
| | | | |
Db 8461 ATACAAACCCAGTGTGGTGGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8520
QY 8521 TAGCCGTGTGTGCTGCTCATATTTGATGAGAGATGCTCTTGTGAGACAAACCTTCCGA 8580
| | | | |
Db 8521 TAGCCGTGTGTGCTGCTCATATTTGATGAGAGATGCTCTTGTGAGACAAACCTTCCGA 8580
QY 8581 GACGCTGACCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8640
| | | | |
Db 8581 GACGCTGACCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8640
QY 8641 CATCATGCTGTGTGACACCGATGATGAGGCTTCTCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8700
| | | | |
Db 8641 CATCATGCTGTGTGACACCGATGATGAGGCTTCTCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8700
QY 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGACCCCTGCGAGCCTGGCG 8760
| | | | |
Db 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGACCCCTGCGAGCCTGGCG 8760
QY 8761 AAAAGAAAGCAGGCGGCTCTGCGACAGCGCCAAAGGCGTGGCGAGCACAGCAAAATT 8820
| | | | |
Db 8761 AAAAGAAAGCAGGCGGCTCTGCGACAGCGCCAAAGGCGTGGCGAGCACAGCAAAATT 8820
QY 8821 GGCCTGCTTCTCTCTGCACTACATCTGACCTCTGACCAAGTTGGATTAAGCGAG 8880
| | | | |
Db 8821 GGCCTGCTTCTCTCTGCACTACATCTGACCTCTGACCAAGTTGGATTAAGCGAG 8880
QY 8881 CGTGTGCTGATACCACTTTCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8940
| | | | |
Db 8881 CGTGTGCTGATACCACTTTCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8940
QY 8941 TATTAACCAACAGAGAGATGACAGAGTTCTTGTGAAGATTTGGCTGATGATGTTT 9000
| | | | |
Db 8941 TATTAACCAACAGAGAGATGACAGAGTTCTTGTGAAGATTTGGCTGATGATGATGTTT 9000
QY 9001 TGCCCTAGGCGCTATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
| | | | |
Db 9001 TGCCCTAGGCGCTATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
QY 9061 CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGGGAGCGGCAACGAGGAGACCCCGGCG 9120
| | | | |

Db 9061 CTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGACGGGCAACAGGGAGAGACCCCGGGC 9120

Qy 9121 TTAACGACCCCGCATGATGATTGGCGACCATGTGATCAGAACCGTTTCGGGTGAA 9180

Db 9121 TTAACGACCCCGCATGATGATTGGCGACCATGTGATCAGAACCGTTTCGGGTGAA 9180

Qy 9181 GCCATGCTCTGAAGGGGATGACGTCCTTCTGGCTCATCCAAAAAACCGTCTCGGGTGG 9240

Db 9181 GCCATGCTCTGAAGGGGATGACGTCCTTCTGGCTCATCCAAAAAACCGTCTCGGGTGG 9240

Qy 9241 GTGAGAGTCTCTGGCTGTGTGGGAGAGAGTATATATCCCGTGTGTGTGTGACGC 9300

Db 9241 GTGAGAGTCTCTGGCTGTGTGGGAGAGAGTATATATCCCGTGTGTGTGTGACGC 9300

Qy 9301 CTCAAGCATATTTGTCTGCTGTGACAGAGCTAGTACCAAGAGCTGACCCCGTTTGG 9360

Db 9301 CTCAAGCATATTTGTCTGCTGTGACAGAGCTAGTACCAAGAGCTGACCCCGTTTGG 9360

Qy 9361 TTCCAGCGGAGGCGCAACCCCGCTTGGAAATTAATAACT 9399

Db 9361 TTCCAGCGGAGGCGCAACCCCGCTTGGAAATTAATAACT 9399

RESULT 3
AF179612 9399 bp RNA linear VRL 07-OCT-1999

DEFINITION Hepatitis GB virus B polyprotein gene, complete cds.

ACCESSION AF179612

VERSION AF179612.1 GI:6014504

KEYWORDS

SOURCE Hepatitis GB virus B
Hepatitis GB virus B
Viruses; ssRNA positive-strand viruses, no DNA stage; Flaviviridae.

REFERENCE 1 (bases 1 to 9399)
Bukh, J., Aggar, C.L. and Yanagi, M.
Toward a surrogate model for hepatitis C virus: An infectious
molecular clone of the GB virus-B hepatitis agent
Virology 262 (2): 470-478 (1999)

JOURNAL PUBMED 10502525

REFERENCE 2 (bases 1 to 9399)
Bukh, J.
Direct Submission
Submitted (23-AUG-1999) Hepatitis viruses Section, Laboratory of
Infectious Diseases, National Institute of Allergy and Infectious
Diseases, National Institutes of Health, Building 7, Room 201, 7
Center Dr., 0740, Bethesda, MD 20892, USA

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..9399
/organism="Hepatitis GB virus B"
/mol_type="genomic RNA"
/specific_host="unknown"
/db_xref="taxon:39113"
/note="most closely related to hepatitis C virus;
experimental infection of lamprins causes acute resolving
hepatitis"
446..9040
/product="polyprotein"
/protein_id="AF01368.1"
/translation="MPVISTQTSVPVAPTRKKNQTSQVPSIKTSVERGQRARAKV
QDARPRNYKIGIHGLOTLAQAALPAWGMDRPHRSNGLIDPLWIGVDT
THPLVGVAVAVRVCQIVRLLEDVWATGMFGVHLFVCLSLSPCGSAGVT
DPTNTTILNCCORNOVATYCSPTCLHSGCVICADGCVW/PANPYISHPMTGDS
FLADHDVFWGALVTCDAIDIGELGCACTVGMWLVKMHILHDLNETGTCTLEVTG
IDPGLGFGWAGKVAEAVFLTKLASQVYALATWSSVHYLAVALIYVARGMY
QILALMLYIATSGNPRIYPTGCSIAEPCSPIMIPCHSYLAENVSEVICYSPKMT
RPTLEYNISISWYPTTIGARGCMYFKNNWGCRCRINVSYSCTMGDAVNDTRN
TYACGVTPLWLTAMNGSALKALLOYGSKEMFKPMMSGHLFEESDPIYVY
DYNSTLLPERARLRGTPPVYRGSMLVPOGFSYDVMDLANTGLTKRKAKNRYVL
YKATGALSTGVTTKAVVLLGLCSKTIILATCTLSICRRASGIVLRLVPLSOS
YLQAGMDVLSKAQVAPFALIFLTCYLRKRLRYAALLGVPMAGGLPLTFVAAAAAO
PYDMMWRLLVAGLVLMAGNRGRIALLVGPVLAALLTLHLVTPASAFTEIIGG

ORIGIN

Query Match 99.9%; Score 9386.2; DB 13; Length 9399;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
Matches 9391; Conservative 0; Mismatches 8; Indels 0; Gaps 0;

Qy 1 ACCACAACACTCTCACTTTGTTACATCCGCTGAGATGCTCTGAGACACCCCGCTAG 60

Db 1 ACCACAACACTCTCACTTTGTTACATCCGCTGAGATGCTCTGAGACACCCCGCTAG 60

Qy 61 CAGGCGTGGGGGATTTCCCTGCGCTGCGAGAAAGGTGAGACCAACCACTTAGTAT 120

Db 61 CAGGCGTGGGGGATTTCCCTGCGCTGCGAGAAAGGTGAGACCAACCACTTAGTAT 120

Qy 121 GTAAGGCGGGGAGCTATACAGCGTCCGCGTATACAAAGCCCAAGCTTGAAGTGGC 180

Db 121 GTAAGGCGGGGAGCTATACAGCGTCCGCGTATACAAAGCCCAAGCTTGAAGTGGC 180

Qy 181 CCTGATGAGCGTTTCATGAGGTTCGATGATGAGCGCTTGAAGAGCTTCAAGCCCA 240

Db 181 CCTGATGAGCGTTTCATGAGGTTCGATGATGAGCGCTTGAAGAGCTTCAAGCCCA 240

Qy 241 CCGCCAGATAGAGCGCGGCACTGTAAGGAGAACCGGGGACCGGTCACTAAGAGAGC 300

Db 241 CCGCCAGATAGAGCGCGGCACTGTAAGGAGAACCGGGGACCGGTCACTAAGAGAGC 300

Qy 301 CAGACCTCTTTTGAATATACAGCGCTCCGGAAGTACTTGGGCAAGCCCACTATATGT 360

Db 301 CAGACCTCTTTTGAATATACAGCGCTCCGGAAGTACTTGGGCAAGCCCACTATATGT 360

Qy 361 TGGGATGTTGGGGGTTAGGACCATCATACCTGCTGATAGAGGCTCTTGCAGAGGGAT 420

Db 361 TGGGATGTTGGGGGTTAGGACCATCATACCTGCTGATAGAGGCTCTTGCAGAGGGAT 420

Qy 421 CTGGAGTCTGTAGACCGGTAGACATGCTGTTATTTCTACTCAACAAGTCTGTACC 480

Db 421 CTGGAGTCTGTAGACCGGTAGACATGCTGTTATTTCTACTCAACAAGTCTGTACC 480

LTPPVVALVMSRFGFFAHLIPRCALVNSYLMQRMWENFWNTLREPERFVLVCEP
GATYDALVFECVCHVALCLTSSAASPFQDSRVBARMLVRLGKCAWYSYKFF
LIVENGVEFYHGLHDVLPNDPASLTPLQEPFPERGAVRNGRSHLACCDTVD
GLPVARLGDVLPAGLAMPDPGALTRPPLTQCLSEGTSTSAWVNTGIDPRWTCT
IFRLGSLATYSMPVCDNVLYTHHSGSKRHLAPTSIHPTVDAANDDITVPCG
ASGLDTRCSCEETGLVTRLGSVLEWKRSDPWVCVAGALPMVAKSSGAPILICSSG
HVIQMTAAANSQGSVOIRNRLPVCGYHPQVYAHATLDTKTPVPEYSQJLIAPT
GSGKSTKLPLASYMQEKRYALNPSVATYATMSTMRKYMATYGVNCPYENGCTYAS
LTYSTYGMVLTGACSRNYDVITICDECAATATVTLGKVLTEAPSNVRLVYATAT
PGVITPPIPHANITIEIOTDEGTIIPFHQTKIENKIKGRLIPEATKQDEVLANELA
RKQITAVSYRGCDSIKIPBGDCVVVATDALTCTGYTDPPSYVIDCSLMVSTCHVIDD
PITWGRVCGVSALIVKQGRKRTGRKRAIYYIVDSCTPSPGVPNCNVEARDNAK
AMYGLSSTEQITLIDVYRTOPLPAIGANDEANDLESMNPEPSFNTAKRTDNVY
LITAAOLOLQHOYGAAPNDAPRMQGLRCKGCVGLMRLDADACGPEPSERTVQ
MCTEVTNISTGALAVGVAMAYVLAIDFGATCVRWCWSTITSPTCATVAPVDEE
IYECASRTIPELMVAVIDKSTITTTTSPTELETALEKNTLPGPAAATLAIYEC
CGVITPDPNPFACVFAFINAGITTPPLPHKIMLSLFGALIASLUTDARGALAFMMG
AAGTALGWTMSVGFVFDMDGGVAASTTACUTRECLMGWPTMDQLGALSAFNPAA
GVVGVASICAMFALTITAGPDHWPENRLITMLARNVTNCEYFIATRIDRKILGILBAS
TPWSVISACIRMLHTPTEDCGLIAMGLEIMQYVCFVILCFVILKAGVOMVNI PG
PFYSCOKGYKPMWIGGMLQARCEGAELEIYENGPALKYKGPRTCSNWRGAVPN
ARLCGSRAPDPTDMSLVNNGVADYCKYKEMDHI EPTVASSPNVCEFTVPTLRBA
VAVDQVOVCILEEPTPTWTTSACTGPGDKTIVKLPREYDHTPEVRQMLRDL
ETNDQNTNNTESDEAVSALVPEKQELRNTQDLLEAISAGVDITKLPAISIEEVVK
RQFRATGSLTLPPEPRSVPGVSCPSLSQDLBEGSNLPSPVQLAMPMLPLGA
GECNPPTAIGCAMEETEGGDDPLSYPPKKEVSEDSWSATATASVYTGPEPKI
RGKDSQSAAPAKPRTKKLGKSEFSCSMSTMDVLSFKTASVLSSTRITSGEFLQ
RSLVYTERPDAELRQKVTINQPLPPSYHKOVLAKERKAKVGVMDYDVAH
TBSKAKSHITGLRGTDVRSAGARKAVLDQKVEAGEITPSHRTQVITYKEEVLMT
PQKPTKPRPLISYPHLEWCVKMYGGVAPVVAWGDAGVDPRIKRVKLLS
WSPDAGATCDIVCFDSTITPBDINWETDILYSAKLSQDRAGIHTIARLDYAGPMI
AYDREIYGRRCSSGYTSSNSLTCMLKVAALBOAKMKNRFLICDDCVINK
SAGADKXOMRVAFAKMGVAPQDVCPSKLSLELTSSNNTSGIRSGKPYE
LNRDRIPLIGRSABELGYNSPAMTIGYLIHNPCLMVSVVLAHVPEQMLFEDKLE
TTFPDTGKNTYTPEDLDSITAGHGIAFVSVRTNATILVSGSLDTMTPEPLA
MKKAAVLAASARRGAAKLARFLMHAITSPLDLDTSVARTTNYCDVYSBE
GVETIPORRLQELVKYLAIVFALGLAVGALIS

Db 421 CTGGAGTCTGTAGACCGTAGACATGCTGTATTATTTCTAATCAACAAAGTCTGTACC 480
Qy 481 TGGCCCGGAAGACGGCCAGAAACAAGCAGACCGAGGCTTCATATCTGTGTCATTAAAC 540
Db 481 TGGCCCGGAAGACGGCCAGAAACAAGCAGACCGAGGCTTCATATCTGTGTCATTAAAC 540
Qy 541 ATCTGTTGAAAGGGGACAACAGCAGCAAAAGTCAGAGCGCATGTCTCGGCTCTGTAA 600
Db 541 ATCTGTTGAAAGGGGACAACAGCAGCAAAAGTCAGAGCGCATGTCTCGGCTCTGTAA 600
Qy 601 TTACAAAATGCTGTGTATCCATGATGCTTTCAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTTGCCAGC 660
Db 601 TTACAAAATGCTGTGTATCCATGATGCTTTCAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTTGCCAGC 660
Qy 661 TCATGTTGGGGAGCCCAAGACCCCTGCGCATTAAGTCTGCAATCTTTGGAATCTTCTGGA 720
Db 661 TCATGTTGGGGAGCCCAAGACCCCTGCGCATTAAGTCTGCAATCTTTGGAATCTTCTGGA 720
Qy 721 TTACCTTTGGGGGTGGATTTGGTATGTTAACTGACACACTCTAGTAGGCGCGCTGCT 780
Db 721 TTACCTTTGGGGGTGGATTTGGTATGTTAACTGACACACTCTAGTAGGCGCGCTGCT 780
Qy 781 GGCAGAGACGGTCTGTTGACACAGTCTGCCAGATAGTACGCTTTCGAGAGATGAGTCA 840
Db 781 GGCAGAGACGGTCTGTTGACACAGTCTGCCAGATAGTACGCTTTCGAGAGATGAGTCA 840
Qy 841 CTGGGCTACTGTTGGTTCGTTGTCACCTTTTGTGTATGTCGTATCTTTGAGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGTTGGTTCGTTGTCACCTTTTGTGTATGTCGTATCTTTGAGCTG 900
Qy 901 TCCCTGTGTGGGGGGGGGGGCTACTGACCCAGACAAATACACAAATCTGTAACCAATTG 960
Db 901 TCCCTGTGTGGGGGGGGGGGCTACTGACCCAGACAAATACACAAATCTGTAACCAATTG 960
Qy 961 CTGCCAGCGTAATCAGTTATCTATTTCTCTTCCACTTTCAGACAGAGCTGTG 1020
Db 961 CTGCCAGCGTAATCAGTTATCTATTTCTCTTCCACTTTCAGACAGAGCTGTG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGAGCAGATGCTGGGTTCCGCGCAATCCGTACATCTCAACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGAGCAGATGCTGGGTTCCGCGCAATCCGTACATCTCAACCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGGAATGCGCAAGGACTCCTCTTGGGCTGACCAATGATTTGTTATGGGCGCTTGT 1140
Db 1081 TTGGAATGCGCAAGGACTCCTCTTGGGCTGACCAATGATTTGTTATGGGCGCTTGT 1140
Qy 1141 GACTGTGACGGCTTGAATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
Db 1141 GACTGTGACGGCTTGAATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
Qy 1201 GCTTGTGAGGCACTGGCTTATTTCACTAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTTTACTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTGAGGCACTGGCTTATTTCACTAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTTTACTGGA 1260
Qy 1261 AGTGCCCACTGGAATGATTCCTGGGTTCTAGAGGTTATCGGGTGAATGGCCGGAAGGT 1320
Db 1261 AGTGCCCACTGGAATGATTCCTGGGTTCTAGAGGTTATCGGGTGAATGGCCGGAAGGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTGAACCAACTGGCTTCAAGATACCAATGCTATTGCGACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTGAACCAACTGGCTTCAAGATACCAATGCTATTGCGACTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGCAAGTATCACTACCTGGCGGTTGAGCTTATCATAGAAAGGACCTGGAACCTAT 1440
Db 1381 GTTTAGCAAGTATCACTACCTGGCGGTTGAGCTTATCATAGAAAGGACCTGGAACCTAT 1440
Qy 1441 GTTGATCAAGTATCACTACCTGGCGGTTGAGCTTATCATAGAAAGGACCTGGAACCTAT 1500
Db 1441 GTTGATCAAGTATCACTACCTGGCGGTTGAGCTTATCATAGAAAGGACCTGGAACCTAT 1500
Qy 1501 CAGGATGCCCACTGAGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTGCTGCTTTGATGATACATGTCC 1560
Db 1501 CAGGATGCCCACTGAGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTGCTGCTTTGATGATACATGTCC 1560

Qy 1561 TTGGCACTTTATTTGAGTGAAGATGTGTCAAGATGATTTGTTACAGTCCAAAGTGGAC 1620
Db 1561 TTGGCACTTTATTTGAGTGAAGATGTGTCAAGATGATTTGTTACAGTCCAAAGTGGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTTGAAGATTAACAATCCATATCTTTGTAACCCCTATTAACAATCCCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTTGAAGATTAACAATCCATATCTTTGTAACCCCTATTAACAATCCCTGG 1680
Qy 1681 TGGAGGAGATGATGTTAAATCAAAAATPAACAATGAGGTTGCTGCGCTATTCGGA 1740
Db 1681 TGGAGGAGATGATGTTAAATCAAAAATPAACAATGAGGTTGCTGCGCTATTCGGA 1740
Qy 1741 TGTGCAATCTGACTGCACTATGAGCACTGATGACGTGTGAAGCAACTGCGCAACTTTA 1800
Db 1741 TGTGCAATCTGACTGCACTATGAGCACTGATGACGTGTGAAGCAACTGCGCAACTTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATCGGTTAAACCATGCTTAACAACCGCATGAGCAACCGGCTGACGCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATCGGTTAAACCATGCTTAACAACCGCATGAGCAACCGGCTGACGCTGAA 1860
Qy 1861 ATTGGCTATATTAACAATACCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAACAATACCTGGGCTTAAGAAATGTTTAACTCATATTTGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGGA 1980
Db 1921 AGGCCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGGA 1980
Qy 1981 TTCACTCTCTTACCAACCGGAGAGTGGGCTAGTGTGCGGCTAACCCCACTGTGGTACG 2040
Db 1981 TTCACTCTCTTACCAACCGGAGAGTGGGCTAGTGTGCGGCTAACCCCACTGTGGTACG 2040
Qy 2041 TGTGTTCTGTGATCAGGTTCCGAAAGGTTTACAGTATGTAAGAAAGCTTAGCCACAGG 2100
Db 2041 TGTGTTCTGTGATCAGGTTCCGAAAGGTTTACAGTATGTAAGAAAGCTTAGCCACAGG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACAAAGCAAAAGCCTGGAATAAATATCAGGCTTTAATTCGCAACGAGTGC 2160
Db 2101 ATTGATCAACAAAGCAAAAGCCTGGAATAAATATCAGGCTTTAATTCGCAACGAGTGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTACGAGGATTAACAACGAGCGGTGTCTAATCTGTGTTGGGTTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGAGGATTAACAACGAGCGGTGTCTAATCTGTGTTGGGTTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGATCTTATTTAGGCTACCTGTTACTGTGCTTGTGTTTGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGATCTTATTTAGGCTACCTGTTACTGTGCTTGTGTTTGGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGTTAACCTTTGCGTCTGTGTCCCAATCCCAATCGATCTCAAGCTGAGTGGAGTGT 2340
Db 2281 TGTTAACCTTTGCGTCTGTGTCCCAATCCCAATCGATCTCAAGCTGAGTGGAGTGT 2340
Qy 2341 TTTGTCTAAAGCTAAAGTACTCTTTTGTCTTGAATTTCTTCAATGTGTGCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTAAAGCTAAAGTACTCTTTTGTCTTGAATTTCTTCAATGTGTGCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGAGGCTACGTTATGCTGCGCTTTTGAAGGTTTGTGCCATGAGGCGGCGCTGCGCT 2460
Db 2401 CTGAGGCTACGTTATGCTGCGCTTTTGAAGGTTTGTGCCATGAGGCGGCGCTGCGCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTTTGTGAGAGAGCTGCGCAACAGATTAATGACTGTGTGGGTGCGACTGCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTTTGTGAGAGAGCTGCGCAACAGATTAATGACTGTGTGGGTGCGACTGCT 2520
Qy 2521 AGTGAGAGGTTAGTTTGTGTGGCGCGCTGAACCGTGTACACCGATAGCTTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGAGAGGTTAGTTTGTGTGGCGCGCTGAACCGTGTACACCGATAGCTTGTGCTGT 2580
Qy 2581 AGTCTTGGCTCTGTGTAAGCTTTTAAACCTCTTGCAATTTGGTATAGGCTGCTCAGG 2640
Db 2581 AGTCTTGGCTCTGTGTAAGCTTTTAAACCTCTTGCAATTTGGTATAGGCTGCTCAGG 2640

QY 2641 TTTTGATCCGAGATTAATGGAGGCTGACATACACCTGTAGTACATTAGTTGTCAT 2700
Db 2641 TTTTGATACCGAGATTAATGGAGGCTGACATACACCTGTAGTACATTAGTTGTCAT 2700
QY 2701 GTCTGTTTTGGCTTTCTTGTCTCACTTGTATCCTCGGCTGCTTGTAGTTAATCTCTACT 2760
Db 2701 GTCTGTTTTGGCTTTCTTGTCTCACTTGTATCCTCGGCTGCTTGTAGTTAATCTCTACT 2760
QY 2761 TTGGCAACGTTGGAGAGATTGGTTTGGAAAGTTACCTAAGACCGGAGAGGTTTTTCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTGGAGAGATTGGTTTGGAAAGTTACCTAAGACCGGAGAGGTTTTTCT 2820
QY 2821 TGTGCTGTTTTGTTTTCCCGGCTGCGACATATGACGCGCTGTGTACTTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTTGTTTTCCCGGCTGCGACATATGACGCGCTGTGTACTTTCTGTGTGTCA 2880
QY 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTTAATCATCATGAGGAGCATGCTTTTGGGACTGACTAGAGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTTAATCATCATGAGGAGCATGCTTTTGGGACTGACTAGAGT 2940
QY 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGGTCTCTCGAAAGTGTATGCTTGTATTCTCATTAATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGGTCTCTCGAAAGTGTATGCTTGTATTCTCATTAATGT 3000
QY 3001 TCTTAAGTTTTTCTCTTAAGTGTGTGTGAGATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTTCTCTTAAGTGTGTGTGAGATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
QY 3061 TGGGATGCTCTGCTTAATGATTTTGTGCTGAAATCTACCTGAAAGGCAATTTTCCC 3120
Db 3061 TGGGATGCTCTGCTTAATGATTTTGTGCTGAAATCTACCTGAAAGGCAATTTTCCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTTATAGAAATGAAAGAAAGCGTTGGCTGTGGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTTATAGAAATGAAAGAAAGCGTTGGCTGTGGGAGAC 3180
QY 3181 GGTGATGTTTTGCTGCTTGT 3240
Db 3181 GGTGATGTTTTGCTGCTTGT 3240
QY 3241 GCGGCGAGATGGGAGGCGCAATTAACCGCACTTTTACGCTGCAAGTCTCTCTAAGCTG 3300
Db 3241 GCGGCGAGATGGGAGGCGCAATTAACCGCACTTTTACGCTGCAAGTCTCTCTAAGCTG 3300
QY 3301 CACGCTGTCAAGCATGAGT 3360
Db 3301 CACGCTGTCAAGCATGAGT 3360
QY 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGAGATTTGTTGTGCAACAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGAGATTTGTTGTGCAACAGTGT 3420
QY 3421 GTATACGCTCACATGAGCAAGAGGCGCGGTTGGCTCATATCCACAGGCTCTATACA 3480
Db 3421 GTATACGCTCACATGAGCAAGAGGCGCGGTTGGCTCATATCCACAGGCTCTATACA 3480
QY 3481 CCCAATTAACGTTGACGCGCTAATGACACGAGCATCTATCAACACCATGTGAGAGTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACGTTGACGCGCTAATGACACGAGCATCTATCAACACCATGTGAGAGTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTAATCTGCTGTCTTGTGCGGAGACCAAGGGGTATCTGTAAACAAGTGGGCT 3600
Db 3541 GTCCCTTAATCTGCTGTCTTGTGCGGAGACCAAGGGGTATCTGTAAACAAGTGGGCT 3600
QY 3601 ATTGCTTGAAGTCAACAAATCCGATGACCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
Db 3601 ATTGCTTGAAGTCAACAAATCCGATGACCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
QY 3661 GGCCTGTTGCCAAGGCTTCTCAGGTGCGCGATTTCTGTCTCTCCGCGGCAATTTTGG 3720
Db 3661 GGCCTGTTGCCAAGGCTTCTCAGGTGCGCGATTTCTGTCTCTCCGCGGCAATTTTGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACGCTGTAGAAATTTCTGGCGGTTCAAGTCAAGATTAGGGTTAGGCGCTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACGCTGTAGAAATTTCTGGCGGTTCAAGTCAAGATTAGGGTTAGGCGCTT 3780
QY 3781 GGTGTGCTGAGTATACATCCCGGCTACACAGCAATGCGCATCTTGAATCAAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGCTGAGTATACATCCCGGCTACACAGCAATGCGCATCTTGAATCAAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3900
QY 3901 CAAATTAACGCTTTCTTACATGACAGAGAAATGATGAGCTTGTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACGCTTTCTTACATGACAGAGAAATGATGAGCTTGTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGGCTACAGAGCATCAATGCGCAAGTACATGACGCGGAGCGTGAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGGCTACAGAGCATCAATGCGCAAGTACATGACGCGGAGCGTGAATCCAAATTTG 4020
QY 4021 CTATTTTAATGGCAATGATACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTAACAGCATATGCGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGCAATGATACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTAACAGCATATGCGAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGAATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAGGCTCTTAACCGAAGCTCATCCAAAA 4200
Db 4141 TACCGAATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAGGCTCTTAACCGAAGCTCATCCAAAA 4200
QY 4201 TGTTAAGCTAGTGTCTTGTGCAACGCGTACCCCGCTGAGATTAATCCCTACACACATGC 4260
Db 4201 TGTTAAGCTAGTGTCTTGTGCAACGCGTACCCCGCTGAGATTAATCCCTACACACATGC 4260
QY 4261 CAACATPACTGAGATTCAATTAACGATGAAAGCACTATCCCTTATGAGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATPACTGAGATTCAATTAACGATGAAAGCACTATCCCTTATGAGAAAAAGAT 4320
QY 4321 TAAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTGAAGCTACAAAAACACTG 4380
Db 4321 TAAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTGAAGCTACAAAAACACTG 4380
QY 4381 TGATGAGCTTGTCAAGAGTACTGAAAGGAAATACAGCTGTCTCTTAATCTAATAGGG 4440
Db 4381 TGATGAGCTTGTCAAGAGTACTGAAAGGAAATACAGCTGTCTCTTAATCTAATAGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGCGCATGTGTGATGATGCTCACTGATGCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGCGCATGTGTGATGATGCTCACTGATGCTTGTG 4500
QY 4501 TACAGGATACAGTGTGATCTTATCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
Db 4501 TACAGGATACAGTGTGATCTTATCCGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
QY 4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTCACTTCACTGAGGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG 4620
Db 4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTCACTTCACTGAGGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG 4620
QY 4621 AATAGTTAAAGGCAAGCTGATGAGGCGCACAGGCGCGGAGAGAGCTGCAATATCTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCAAGCTGATGAGGCGCACAGGCGCGGAGAGAGCTGCAATATCTACTA 4680
QY 4681 TGTAGACGAGAGTGTAAACCTTCCGCTATGTTCTCTGAATGCAATTTTGAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGAGAGTGTAAACCTTCCGCTATGTTCTCTGAATGCAATTTTGAAGCTT 4740
QY 4741 CGACGAGCCAAAGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
Db 4741 CGACGAGCCAAAGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
QY 4801 CTATGCGACCAACCTGAGTTACTGATGAGAGCAATTTTGAAGAGAGCTGAGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCGACCAACCTGAGTTACTGATGAGAGCAATTTTGAAGAGAGCTGAGCTGATCT 4860

Db 4801 CTATGCAACCCACCTGGTTACTGCGATAGAGCAAAATTGACGAGTGGCTGATCT 4860
Qy 4861 CTTTCTATGTCACCCCGAACCTTCAATTGTGTAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGTCACCCCGAACCTTCAATTGTGTAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTATGTTTTGTGATGTCAGCCCACTACACTGTGTCATAGTAATGCTATGCTCTCC 4980
Db 4921 TTATGTTTTGTGATGTCAGCCCACTACACTGTGTCATAGTAATGCTATGCTCTCC 4980
Qy 4981 CAATGACGACACGAGTGGCAGGAGCCGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGCTTGTG 5040
Db 4981 CAATGACGACACGAGTGGCAGGAGCCGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGCTTGTG 5040
Qy 5041 GGGCTTGAACGGCGTCGACGCTGTCTGCGCCAGAGCCAGAGGTGACCAATACCA 5100
Db 5041 GGGCTTGAACGGCGTCGACGCTGTCTGCGCCAGAGCCAGAGGTGACCAATACCA 5100
Qy 5101 AATGTCCTTCACTGAAGTCAATTAATCTTGGGACAGCCGCACTGCTGTGGCGTGGAGT 5160
Db 5101 AATGTCCTTCACTGAAGTCAATTAATCTTGGGACAGCCGCACTGCTGTGGCGTGGAGT 5160
Qy 5161 GGCCTATGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGTCTGTC 5220
Db 5161 GGCCTATGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGTCTGTC 5220
Qy 5221 TTATGATATAGTCCCTTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGAGGTGACGAAGAATGCT 5280
Db 5221 TTATGATATAGTCCCTTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGAGGTGACGAAGAATGCT 5280
Qy 5281 GAGAGAGTGTGATCAATTCCTTGGAGGCAATGTTGTGCAATGCAATGACTGA 5340
Db 5281 GAGAGAGTGTGATCAATTCCTTGGAGGCAATGTTGTGCAATGCAATGACTGA 5340
Qy 5341 GAGTCAATCACACCAACTAGTCTTTCACATTTGAAAACCGCCCTTGA AAAA CTTTAAC 5400
Db 5341 GAGTCAATCACACCAACTAGTCTTTCACATTTGAAAACCGCCCTTGA AAAA CTTTAAC 5400
Qy 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGTCACAAATCCTTCTATCATAAGTATGCTGTGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGTCACAAATCCTTCTATCATAAGTATGCTGTGTTAGT 5460
Qy 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGTCACAAATCCTTCTATCATAAGTATGCTGTGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGTCACAAATCCTTCTATCATAAGTATGCTGTGTTAGT 5460
Qy 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATCATGCGTGTGTTCAATTTGCGGTAATTAATAC 5520
Db 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATCATGCGTGTGTTCAATTTGCGGTAATTAATAC 5520
Qy 5521 CCCACTACTCAACAAGATCAAAATGTTCTGTCAATTAATTTGAGGCGCAATTCGCTCAA 5580
Db 5521 CCCACTACTCAACAAGATCAAAATGTTCTGTCAATTAATTTGAGGCGCAATTCGCTCAA 5580
Qy 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGCGTTCATGAGGCGCGGCGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGCGTTCATGAGGCGCGGCGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Qy 5641 TGGTACATGAGCAATCGGTGGGTTTTGTCTTGAATGAGGCGCTATGCGCGCTC 5700
Db 5641 TGGTACATGAGCAATCGGTGGGTTTTGTCTTGAATGAGGCGCTATGCGCGCTC 5700
Qy 5701 ATCCATGCTGTGCTTGAATTAATGCTGATGAGTGGTGGCCCACTATGATAGCT 5760
Db 5701 ATCCATGCTGTGCTTGAATTAATGCTGATGAGTGGTGGCCCACTATGATAGCT 5760
Qy 5761 TGTGCTTATGCTACTCGCGCTTCAATCGCGCGAGAGATGTGGGGGTCTTGTGCAC 5820
Db 5761 TGTGCTTATGCTACTCGCGCTTCAATCGCGCGAGAGATGTGGGGGTCTTGTGCAC 5820
Qy 5821 TTGTGCAATGTTGCTTGAACAACAGAGGCGCAATCTGCGCCCAACAGACTTTTAC 5880
Db 5821 TTGTGCAATGTTGCTTGAACAACAGAGGCGCAATCTGCGCCCAACAGACTTTTAC 5880
Qy 5881 TTATGCTGTAGAGCAACTGTATGTAATGATGTAATTTATTTGCACTCGTGAATCCG 5940
Db 5881 TTATGCTGTAGAGCAACTGTATGTAATGATGTAATTTATTTGCACTCGTGAATCCG 5940

Qy 5941 CAGAGAATACCTGGGCAATTCGAGGCACTTACCCCTGAGGTGATATACGCTTGAT 6000
Db 5941 CAGAGAATACCTGGGCAATTCGAGGCACTTACCCCTGAGGTGATATACGCTTGAT 6000
Qy 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGAGAGATGATTTGGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAT 6060
Db 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGAGAGATGATTTGGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAT 6060
Qy 6061 TTGGCAGTATGTCGAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCAGTATGTCGAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Qy 6121 GAGCATGTTAAACATTCCTGTTGTCTTCTTACAGCTGCCAGAAAGGGTAAAGGGCC 6180
Db 6121 GAGCATGTTAAACATTCCTGTTGTCTTCTTACAGCTGCCAGAAAGGGTAAAGGGCC 6180
Qy 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCCAAAGCAGCTGTTCATGCGGTGTCGAATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCCAAAGCAGCTGTTCATGCGGTGTCGAATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGAAATGTTTTGCAAACTTTTCAAGAGAACCCAGAACTTGTCAAAATTAATGAG 6300
Db 6241 TGTGAGAAATGTTTTGCAAACTTTTCAAGAGAACCCAGAACTTGTCAAAATTAATGAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGAACCACTGATTC 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGAACCACTGATTC 6360
Qy 6361 GACTATGCTTGTGCTCAATTAATGCGCTTAAAGGACTACTGTAAATATGAGAAATGGAG 6420
Db 6361 GACTATGCTTGTGCTCAATTAATGCGCTTAAAGGACTACTGTAAATATGAGAAATGGAG 6420
Qy 6421 TCAATTTTGTTCAGAGATATCCTCCAAATGCTTTCACCAAGTCCCGCCCAAC 6480
Db 6421 TCAATTTTGTTCAGAGATATCCTCCAAATGCTTTCACCAAGTCCCGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTTGAGACCTCAGTGGCGCTGACAGCGGTACAGGTGATGTAATCTTAATGAGTGA 6540
Db 6481 CTTGAGACCTCAGTGGCGCTGACAGCGGTACAGGTGATGTAATCTTAATGAGTGA 6540
Qy 6541 AACTCTTGAAGACATCTGCTTGTGTAAGGTCTTGAAGGTAAACCTTTAA 6600
Db 6541 AACTCTTGAAGACATCTGCTTGTGTAAGGTCTTGAAGGTAAACCTTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCCGCTGACGTCACACCTGTGTGCTGTAAGGTGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCCGCTGACGTCACACCTGTGTGCTGTAAGGTGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Qy 6661 TGCACTTGAACAATGACTGTAAATTCACAAACAACTCTTAATGTAAGAGCGCGAGT 6720
Db 6661 TGCACTTGAACAATGACTGTAAATTCACAAACAACTCTTAATGTAAGAGCGCGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTTGTTCACAAAGAGTTCGCGTGAACAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTTCACAAAGAGTTCGCGTGAACAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGGCTTGAACCAACCAATGCGAGCCCTCCATCGAAGAGTATGCTTAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGGCTTGAACCAACCAATGCGAGCCCTCCATCGAAGAGTATGCTTAAGAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTACCTTATGCTTCCCTCGAGATCCGTC 6900
Db 6841 GCGCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTACCTTATGCTTCCCTCGAGATCCGTC 6900
Qy 6901 AGAGTGTATGTCCTGAAAGCTTGAACGAAAGTACCCGTTAAAGAGTCTTCAAACT 6960
Db 6901 AGAGTGTATGTCCTGAAAGCTTGAACGAAAGTACCCGTTAAAGAGTCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCTCTCTTCACTGCTTCTTCAATTTGCGCAATGCGGCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
Db 6961 CCTCTCTTCACTGCTTCTTCAATTTGCGCAATGCGGCTGTTGGAGCGGGTGA 7020

Db 9181 GCCATGTCGTAAGGGAGTAGAGTCCTTCTGCTCATCCAGAAAACCGTCTCGGCTG 9240
Qy 9241 GTGAGAGTCTGCTGTGTGTGGAGACGATCATATATTTCCGTCGTGTGTGTGACGC 9300
Db 9241 GTGAGAGTCTGCTGTGTGTGGAGACGATCATATATTTCCGTCGTGTGTGTGACGC 9300
Qy 9301 CTCACAGCATATTTGTCCGCTGTGACAGACGATGATCCAAAGGCTGCACCCGGTTTTTG 9360
Db 9301 CTCACAGCATATTTGTCCGCTGTGACAGACGATGATCCAAAGGCTGCACCCGGTTTTTG 9360
Qy 9361 TTCACAGCGAGGCAACCCCGCTTGAATTTAAACT 9399
Db 9361 TTCACAGCGAGGCAACCCCGCTTGAATTTAAACT 9399
RESULT 4
AX805212 9397 bp DNA linear PAT 25-NOV-2003
LOCUS Sequence 2 from Patent WO03059944.
DEFINITION AX805212
ACCESSION AX805212 GI:38522352
VERSION AX805212.1 GI:38522352
KEYWORDS
SOURCE synthetic construct
ORGANISM synthetic construct
other sequences; artificial sequences.
REFERENCE 1
AUTHORS de Tommasi, A., Graziani, R., Paonessa, G. and Traboni, C.
TITLE GB virus B based replicons and replicon enhanced cells
JOURNAL Patent: WO 03059944-A 2 24-JUL-2003;
ISTITUTO DI RICERCHE DI BIOLOGIA MOLECOLARE P. ANGELETTI S.P.A.
(IT)
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..9397
/organism="synthetic construct"
/mol_type="unassigned DNA"
/db_xref="taxon:32630"
/note="GBV-B Replicon"
ORIGIN
Query Match 99.3%; Score 9329; DB 6; Length 9397;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9362; Conservative 0; Mismatches 35; Indels 2; Gaps 1;
Qy 1 ACCACAAACATCTCAAGTTGTTACATCTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTGG 60
Db 1 ACCACAAACATCTCAAGTTGTTACATCTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTGG 60
Qy 61 CAGGGCGTGGGGATTTCCTGCGCCGCTGACAGAAAGGTGAGAGCAACCACTTAGTAT 120
Db 61 CAGGGCGTGGGGATTTCCTGCGCCGCTGACAGAAAGGTGAGAGCAACCACTTAGTAT 120
Qy 121 GTAGGCGGCGGACATCATGACGCTCGCTGATGATGACAGCGCCAAAGCTTGAATTGATG 180
Db 121 GTAGGCGGCGGACATCATGACGCTCGCTGATGATGACAGCGCCAAAGCTTGAATTGATG 180
Qy 181 CCTGATGGGCTTCAATGGGTTGCGTGTGTGTGCGCTTTTAAAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Db 181 CCTGATGGGCTTCAATGGGTTGCGTGTGTGTGCGCTTTTAAAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Qy 241 CCTGATGGGCTTCAATGGGTTGCGTGTGTGTGCGCTTTTAAAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Db 241 CCTGATGGGCTTCAATGGGTTGCGTGTGTGTGCGCTTTTAAAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Qy 241 CCTGATGGGCTTCAATGGGTTGCGTGTGTGTGCGCTTTTAAAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Db 241 CCTGATGGGCTTCAATGGGTTGCGTGTGTGTGCGCTTTTAAAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Qy 301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCCTCCGGAAGTATGTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCCTCCGGAAGTATGTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Qy 361 TGGGATGTTGGGCTTAAAGCATCATACCGTACCTGCTATAGGAGCTTGGGAGGGAGAT 420
Db 361 TGGGATGTTGGGCTTAAAGCATCATACCGTACCTGCTATAGGAGCTTGGGAGGGAGAT 420
Qy 421 CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTGTATTTCTACTCAAAAGTCTCTTACC 480
Db 421 CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTGTATTTCTACTCAAAAGTCTCTTACC 480

Db 421 CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTGTATTTCTACTCAAAAGTCTCTTACC 480
Qy 481 TGGCCCAAGAACCGCAAGAACAGACGACGAGCTTCAATCTCTGTGTCAATTAAC 540
Db 481 TGGCCCAAGAACCGCAAGAACAGACGACGAGCTTCAATCTCTGTGTCAATTAAC 540
Qy 541 ATCTGTAAAGGGGCAACGAGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAG 600
Db 541 ATCTGTAAAGGGGCAACGAGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAG 600
Qy 601 TTACAAAATTTGCTGTATTCATGATGCTTGCAGCATTTGCTCAAGCTCTTGTGCACG 660
Db 601 TTACAAAATTTGCTGTATTCATGATGCTTGCAGCATTTGCTCAAGCTCTTGTGCACG 660
Qy 661 TCATGTTGGGAGCCCAAGACCTTCGCAATAGTCTGCAATCTTTGGAATCTTCTGGA 720
Db 661 TCATGTTGGGAGCCCAAGACCTTCGCAATAGTCTGCAATCTTTGGAATCTTCTGGA 720
Qy 721 TTACCTTTGGGAGGATTTGGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 780
Db 721 TTACCTTTGGGAGGATTTGGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 780
Qy 781 GGCAGAGCGGTCGTTGACACGATCGCCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
Db 781 GGCAGAGCGGTCGTTGACACGATCGCCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
Qy 841 CTGGGCTACGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
Qy 901 TCCCTGTGTGG 960
Db 901 TCCCTGTGTGG 960
Qy 961 CTGCCAGGTATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCACTTGTCTTCAACAGACCTGCTGG 1020
Db 961 CTGCCAGGTATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCACTTGTCTTCAACAGACCTGCTGG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGGGAGGAGTGTGCTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCACACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGGGAGGAGTGTGCTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCACACCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGATCTGTGGGAGGAGTGTGCTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCACACCTTCCAA 1140
Db 1081 TTGATCTGTGGGAGGAGTGTGCTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCACACCTTCCAA 1140
Qy 1141 GACTGTGACGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
Db 1141 GACTGTGACGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
Qy 1201 GCTTGTCAAGGCACTGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGTAATCTTGTGATGAT 1260
Db 1201 GCTTGTCAAGGCACTGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGTAATCTTGTGATGAT 1260
Qy 1261 AGTGGCCATGGAATATTCGAGGTTCTAGAGTTTATCGGTTGATGAGGCGGCAAGGT 1320
Db 1261 AGTGGCCATGGAATATTCGAGGTTCTAGAGTTTATCGGTTGATGAGGCGGCAAGGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGATCTTCTTGAACCAACTGCTTCAAGATGACATGCTATTTGCGATAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGATCTTCTTGAACCAACTGCTTCAAGATGACATGCTATTTGCGATAT 1380
Qy 1381 GTTATGAGTGTACATCTACCTGCGGTTGGGCTCTGATCTATGCTCTGCGGAGCA 1440
Db 1381 GTTATGAGTGTACATCTACCTGCGGTTGGGCTCTGATCTATGCTCTGCGGAGCA 1440
Qy 1441 GTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1500
Db 1441 GTGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1500
Qy 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATGCTGATGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1560
Db 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATGCTGATGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1560

QY 1561 TTGCCACTTTATTTGAGTGAAGATGTGCAGAAAGTCATTGTTACAGTCCAAAGTGAC 1620
DB 1561 TTGCCACTTTATTTGAGTGAAGATGTGCAGAAAGTCATTGTTACAGTCCAAAGTGAC 1620
QY 1621 CAGGCCATACCTCTAAGATTAACAATCTCATCTTGGTACCCCTTAACAATCCCTGG 1680
DB 1621 CAGGCCATGCTCTAAGATTAACAATCTCATCTTGGTACCCCTTAACAATCCCTGG 1680
QY 1681 TGCAGAGGAGATGTATGTTAAATTCAAAAATTAACACATGGGGTGTCTGCGGTATGGCAA 1740
DB 1681 TGCAGAGGAGATGTATGTTAAATTCAAAAATTAACACATGGGGTGTCTGCGGTATGGCAA 1740
QY 1741 TGTGCCATGCTATGCTACCTATGGGCACTGATGCAAGTGGAAAGCACTCGCAACTTGA 1800
DB 1741 TGTGCCATGCTATGCTACCTATGGGCACTGATGCAAGTGGAAAGCACTCGCAACTTGA 1800
QY 1801 CGAAGTATGGGGTGTACACCATGGCTTAACACCGCATGGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
DB 1801 CGAAGCATGGGGTGTACACCATGGCTTAACACCGCATGGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
QY 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTGGGTCTTAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
DB 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTGGGTCTTAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
QY 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGAGTCAAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGAA 1980
DB 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGAGTCAAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGAA 1980
QY 1981 TTGCACCTCTCTACACCGGAGAGTGGGTAGTGGCCGATACCCCACTGTGTAGC 2040
DB 1981 TTGCACCTCTCTACACCGGAGAGTGGGTAGTGGCCGATACCCCACTGTGTAGC 2040
QY 2041 TGGTCTTGATGATCAGGTTCCGCAAGGATTTTACAGATGTGAAGAAGCTTACCAAG 2100
DB 2041 TGGTCTTGATGATCAGGTTCCGCAAGGATTTTACAGATGTGAAGAAGCTTACCAAG 2100
QY 2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGAAAAATTAACAAGTCTTATATTCGCGCAAGGATG 2160
DB 2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGAAAAATTAACAAGTCTTATATTCGCGCAAGGATG 2160
QY 2161 TTTGTCTCTTAACGGAGATTAACAACAAGGCGGTGTGCTAATTTCTGTTGGGATTTGTGTG 2220
DB 2161 TTTGTCTCTTAACGGAGATTAACAACAAGGCGGTGTGCTAATTTCTGTTGGGATTTGTGTG 2220
QY 2221 CAGCAAGTATCTAATTTAGCCTACCTGTTACTTGTCCCTTGTGTTGGGGCGCCTTC 2280
DB 2221 CAGCAAGTATCTAATTTAGCCTACCTGTTACTTGTCCCTTGTGTTGGGGCGCCTTC 2280
QY 2281 TGGTACCTTTGCGTCTGTGCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGGCTGGGATGT 2340
DB 2281 TGGTACCTTTGCGTCTGTGCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGGCTGGGATGT 2340
QY 2341 TTTGTCTTAAGCTCAAGTACTCTTTTGTGTTGATTTTCTTCACTGTGTGCTATCCG 2400
DB 2341 TTTGTCTTAAGCTCAAGTACTCTTTTGTGTTGATTTTCTTCACTGTGTGCTATCCG 2400
QY 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCTTTTAAAGGTTTGGCCATGGCTGGGGCTGGCCCT 2460
DB 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCTTTTAAAGGTTTGGCCATGGCTGGGGCTGGCCCT 2460
QY 2461 AACTTTCTTTGTTGACAGCTGCTGCCAACAACAGATTAAGAATGGGTGGAGCTGCT 2520
DB 2461 AACTTTCTTTGTTGACAGCTGCTGCCAACAACAGATTAAGAATGGGTGGAGCTGCT 2520
QY 2521 AGTGGCAGGATTAAGTTTGTGGGCGGCGTAAACGTTGTACCGCATAGCTCTGCTGT 2580
DB 2521 AGTGGCAGGATTAAGTTTGTGGGCGGCGTAAACGTTGTGTACCGCATAGCTCTGCTGT 2580
QY 2581 AGGTCTTGCGCTCTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGCAATTTGGTTACGCTGCTTACG 2640
DB 2581 AGGTCTTGCGCTCTGTAGCGCTTTTAAACCTCTCTTGCAATTTGGTTACGCTGCTTACG 2640

QY 2641 TTTGTATACGAGATTAATGGAGGCTGACAAATACCACTGTATAGCATTAAGTGTAT 2700
DB 2641 TTTGTATACGAGATTAATGGAGGCTGACAAATACCACTGTATAGCATTAAGTGTAT 2700
QY 2701 GTCTCGTTTGGCTCTCTTGTCTCACTTGTTAACCTGCTGTGCTTTAAGTAACTCTATCT 2760
DB 2701 GTCTCGTTTGGCTCTCTTGTCTCACTTGTTAACCTGCTGTGCTTTAAGTAACTCTATCT 2760
QY 2761 TTGGCAACGTTGGGAGATTTGTTTGAACGTTTACCTTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
DB 2761 TTGGCAACGTTGGGAGATTTGTTTGAACGTTTACCTTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGCAATATGACGCGCTGTGATCTTCTGTGTGTCA 2880
DB 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGCAATATGACGCGCTGTGATCTTCTGTGTGTCA 2880
QY 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCTCAGTGTGACATGTTTTTGGGACTGATCTAGGGT 2940
DB 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCTCAGTGTGACATGTTTTTGGGACTGATCTAGGGT 2940
QY 2941 TAGGCGCCATAGAAATGTTGGTGGCTCTCGGAAAGTGCATGTTGATTTCTATATGT 3000
DB 2941 TAGGCGCCATAGAAATGTTGGTGGCTCTCGGAAAGTGCATGTTGATTTCTATATGT 3000
QY 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTATGATTTTGTGAGAAATGTTGTGTTTCTATAGCACTTGA 3060
DB 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTATGATTTTGTGAGAAATGTTGTGTTTCTATATAGCACTTGA 3060
QY 3061 TGGTATGTTCTTGTCTTAATGATTTTTCCTGAAACTAATCCATTGCAAGAGCAATTTTCCC 3120
DB 3061 TGGTATGTTCTTGTCTTAATGATTTTTCCTGAAACTAATCCATTGCAAGAGCAATTTTCCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGATCTATAGAAATGAAGAAAGCGTTGGCGGTGGGGCAC 3180
DB 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGATCTATAGAAATGAAGAAAGCGTTGGCGGTGGGGCAC 3180
QY 3181 GGTGATGTTTGCCTGTGTTGCGGCTCTCGCGCATCTGTGTTTGCAGAGGTTGCTAT 3240
DB 3181 GGTGATGTTTGCCTGTGTTGCGGCTCTCGCGCATCTGTGTTTGCAGAGGTTGCTAT 3240
QY 3241 GCCGCCAATGGGTGGGCCATTAACGCACTTTTACGCTGTGCAAGTGTCTCTGAACGTGG 3300
DB 3241 GCCGCCAATGGGTGGGCCATTAACGCACTTTTACGCTGTGCAAGTGTCTCTGAACGTGG 3300
QY 3301 CAGGCTGTAGGATGGGAGTGTGATGAATGAGTGTGATGAGTGTGATGAGTGTGATGAG 3360
DB 3301 CAGGCTGTAGGATGGGAGTGTGATGAATGAGTGTGATGAGTGTGATGAGTGTGATGAG 3360
QY 3361 TATCTTCAGATTAAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGAGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
DB 3361 TATCTTCAGATTAAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGAGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
QY 3421 GTATACTGCTACATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 3480
DB 3421 GTATACTGCTACATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 3480
QY 3481 CCCAATPACCGTTGACGCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACAACAATGTGAGACTGG 3540
DB 3481 CCCAATPACCGTTGACGCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACAACAATGTGAGACTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTACTCGGCTCTTGTGCGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAACAAGACTGGGGTC 3600
DB 3541 GTCCCTTACTCGGCTCTTGTGCGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAACAAGACTGGGGTC 3600
QY 3601 ATTGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGGGGCCCTTCCAT 3660
DB 3601 ATTGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGGGGCCCTTCCAT 3660
QY 3661 GGTGTGTGCAAGGGTCTTCAAGTGTGCGGCAATCTGTGCTCTCCGCGGCAATTTAGG 3720
DB 3661 GGTGTGTGCAAGGGTCTTCAAGTGTGCGGCAATCTGTGCTCTCCGCGGCAATTTAGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGCGCGGTTCAGTCAAGTCAAGATTAAGGCGGTT 3780

Db 3721 GATGTTACCCCTGCTAGAAATTCGCGGTTCAGTACGCAAGTTAGGTTAGCGGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGCTGAGTACCATCCCGAGTACAGCAATGCCACTTTGATTAACAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGCTGAGTACCATCCCGAGTACAGCAATGCCACTTTGATTAACAAACCTTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAACAGATTTTCAAGTCAAAATTTTAATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACAGATTTTCAAGTCAAAATTTTAATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGATAGGTCTTGTGCTTAAATCCCAAGTGT 3960
Db 3901 CAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGATAGGTCTTGTGCTTAAATCCCAAGTGT 3960
Qy 3961 GGTCTACACAGCATCAATGCCAAAGTACATGCAACGCGAGTACCGCGTGAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGTCTACACAGCATCAATGCCAAAGTACATGCAACGCGAGTACCGCGTGAATCCAAATTTG 4020
Qy 4021 CTATTTTAATGGCAATGTACCAACAGAGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGCAATGTACCAACAGAGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGGCAT 4080
Qy 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTAAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTAAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGACACACCGTGTGGGCAATGGAAAGTCTTAACCGAAAGTCCATCCAAATA 4200
Db 4141 TACCGATGACACACCGTGTGGGCAATGGAAAGTCTTAACCGAAAGTCCATCCAAATA 4200
Qy 4201 TGTGAGCTAGTGTCTTGGCCACGCGTACACCGGCTTACCTGAGTAAATCCCTACACATGC 4260
Db 4201 TGTGAGCTAGTGTCTTGGCCACGCGTACACCGGCTTACCTGAGTAAATCCCTACACATGC 4260
Qy 4261 CAACATTAAGTCAATTAACGATGAGGACATATCCCTTTCATGAGGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATTAAGTCAATTAACGATGAGGACATATCCCTTTCATGAGGAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAAACTGAGAAAAAGAGACACTTATCTTGAAGCTTACCAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAAACTGAGAAAAAGAGACACTTATCTTGAAGCTTACCAAAAAACCTG 4380
Qy 4381 TGAATGCTTGTCTTAACGATGAGTCTGAAAGGAAATTAACGCTGTCTTAAATAGGG 4440
Db 4381 TGAATGCTTGTCTTAACGATGAGTCTGAAAGGAAATTAACGCTGTCTTAAATAGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGCGACGTGTAGTATGTCACATGATGCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGCGACGTGTGTAGTATGTCACATGATGCTTGTG 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACTGTGACTTTGATTCGCTGATGATGCTGACCTCATGATGATGAGGCA 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGTGACTTTGATTCGCTGATGATGCTGACCTCATGATGATGAGGCA 4560
Qy 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACACATGAGGCTTGTGCTGATGAGGCTTGTGACG 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACACATGAGGCTTGTGCTGATGAGGCTTGTGACG 4620
Qy 4621 AATAGTAAAGGCGACGATAGGGGCGCACAGGCGCTGGAGAGAGCTGAGATATATCTA 4680
Db 4621 AATAGTAAAGGCGACGATAGGGGCGCACAGGCGCTGGAGAGAGCTGAGATATATCTA 4680
Qy 4681 TGTAGACGGAGATTTGATCCCTTCCGCTGATGCTTGAATGCAATGTTGAAACCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGATTTGATCCCTTCCGCTGATGCTTGAATGCAATGTTGAAACCTT 4740
Qy 4741 CGACGAGCGCAAGGCAATGATGCTTGTGATGATGCAAGAGCTCAAACTATCTGAGCAC 4800
Db 4741 CGACGAGCGCAAGGCAATGATGCTTGTGATGATGCAAGAGCTCAAACTATCTGAGCAC 4800
Qy 4801 CTATGCCAACCACTGAGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCCAACCACTGAGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860

Db 4801 CTATGCCAACCACTGAGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860
Qy 4861 CTTTCTATGAGTCAACCCCGAACCTTATTTGTCAATATCTGCAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGAGTCAACCCCGAACCTTATTTGTCAATATCTGCAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTAATGTTTTGTTGACTGACGCCCACTAACATGTGTCTATCAATATGCTATGCTGCTCC 4980
Db 4921 TTAATGTTTTGTTGACTGACGCCCACTAACATGTGTCTATCAATATGCTATGCTGCTCC 4980
Qy 4981 CAATGACGCAACAGGTGAGGAGGAGCGGCTTGGGAAAAAACCTTGTGAGGTTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGACGCAACAGGTGAGGAGGAGCGGCTTGGGAAAAAACCTTGTGAGGTTCTGTG 5040
Qy 5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGAGCCAGAGCCAGCGAGTGAACGATACCA 5100
Db 5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGAGCCAGAGCCAGCGAGTGAACGATACCA 5100
Qy 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGAACAGCCGCACTCGCTTGTGGCTTGAAGT 5160
Db 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGAACAGCCGCACTCGCTTGTGGCTTGAAGT 5160
Qy 5161 GGTATGAGCTTATGACGATTAACATTTTGGGCGCACTTGTGCGGCTTGTGCTGCTG 5220
Db 5161 GGTATGAGCTTATGACGATTAACATTTTGGGCGCACTTGTGCGGCTTGTGCTGCTG 5220
Qy 5221 TATGATCATGATCCCTTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGAGTGTGAAGAAATCGT 5280
Db 5221 TATGATCATGATCCCTTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGAGTGTGAAGAAATCGT 5280
Qy 5281 GAGAGAGTGTGATCAATTCATTTCCCTTGAAGGCAATGTTGTGCAATGATGATGATG 5340
Db 5281 GAGAGAGTGTGATCAATTCATTTCCCTTGAAGGCAATGTTGTGCAATGATGATGATG 5340
Qy 5341 GAGAGAGTGTGATCAATTCATTTCCCTTGAAGGCAATGTTGTGCAATGATGATGATG 5400
Db 5341 GAGAGAGTGTGATCAATTCATTTCCCTTGAAGGCAATGTTGTGCAATGATGATGATG 5400
Qy 5401 CTTTCTGAGGCTCAATGAGCTAACAATCTTGTCAATATGATGATGATGATGATG 5460
Db 5401 CTTTCTGAGGCTCAATGAGCTAACAATCTTGTCAATATGATGATGATGATGATG 5460
Qy 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
Db 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
Qy 5521 CCGACTACCTCAAGATCAAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
Db 5521 CCGACTACCTCAAGATCAAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
Qy 5581 GCTTACAGAGCTAGAGGCGACCTGAGCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
Db 5581 GCTTACAGAGCTAGAGGCGACCTGAGCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
Qy 5641 TGTATCATGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
Db 5641 TGTATCATGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
Qy 5701 ATTCATGCTGCTTGAACATTTAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
Db 5701 ATTCATGCTGCTTGAACATTTAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
Qy 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
Db 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
Qy 5821 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
Db 5821 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
Qy 5881 TATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940
Db 5881 TATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940

QY 5941 CAGGAAGTACTGGGCAATTCCTGAGGCACTACCCCTGAGGTGCATATCAGCTTGAT 6000
DB 5941 CAGGAAGTACTGGGCAATTCCTGAGGCACTACCCCTGAGGTGCATATCAGCTTGAT 6000
QY 6001 CCGTTGGTCCACACCCCGAGAGAGATGATTTGGGCGCTCATTTGCTTGGGCTTAGAGAT 6060
DB 6001 CCGTTGGTCCACACCCCGAGAGAGATGATTTGGGCGCTCATTTGCTTGGGCTTAGAGAT 6060
QY 6061 TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
DB 6061 TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCAGGTAACTTCCTGCTGCTGCTTCTTCTAGCTGCCAGAGGGGATCAAGGGGCC 6180
DB 6121 GAGCAGGTAACTTCCTGCTGCTGCTTCTTCTAGCTGCCAGAGGGGATCAAGGGGCC 6180
QY 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTTCAAGCAGCTGTCTCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
DB 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTTCAAGCAGCTGTCTCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
QY 6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTTCAAGAGCCAGAACTTGTCAAATTACTGAG 6300
DB 6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTTCAAGAGCCAGAACTTGTCAAATTACTGAG 6300
QY 6301 AGGGGCTGTTCACTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCAACTGATTTG 6360
DB 6301 AGGGGCTGTTCACTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCAACTGATTTG 6360
QY 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTAAGCGCTTAGGGACTACTGTAATATAGAAATGAGAGA 6420
DB 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTAAGCGCTTAGGGACTACTGTAATATAGAAATGAGAGA 6420
QY 6421 TCACATTTTGTGACAGAGATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGAGGCGCCCAAC 6480
DB 6421 TCACATTTTGTGACAGAGATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGAGGCGCCCAAC 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGTGAGCGGCGGTACAGGTTCACTGATTTAGTGAAGCCCA 6540
DB 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGTGAGCGGCGGTACAGGTTCACTGATTTAGTGAAGCCCA 6540
QY 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTATGCGTCTGACGCTGTAAGGTTAAACTGTAA 6600
DB 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTATGCGTCTGACGCTGTAAGGTTAAACTGTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTCCGGGTGACGCTGACACGCTGCTGCGCATGGAATTTAATTTGCGTGA 6660
DB 6601 GCTTCCCTCCGGGTGACGCTGACACGCTGCTGCGCATGGAATTTAATTTGCGTGA 6660
QY 6661 TGCACTTGAGCAAAATGACTGTATTCACAAACAACTCTGATGATGAAGCGGAGT 6720
DB 6661 TGCACTTGAGCAAAATGACTGTATTCACAAACAACTCTGATGATGAAGCGGAGT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTGTTTCAACAGAGATTGGCGGCTGACAAACCAATTTGTTGAGCAATTC 6780
DB 6721 GTCCGCTCTGTTTCAACAGAGATTGGCGGCTGACAAACCAATTTGTTGAGCAATTC 6780
QY 6781 AGCTGGGTGAGCAACCAACGCTGACGCGCTCATGGAAGAGTATGTGTAAGAA 6840
DB 6781 AGCTGGGTGAGCAACCAACGCTGACGCGCTCATGGAAGAGTATGTGTAAGAA 6840
QY 6841 GCGCAGTCCGGGCAAGAACTGGTTGCTTACCTTCCCGCTCCGAGATCCGTC 6900
DB 6841 GCGCAGTCCGGGCAAGAACTGGTTGCTTACCTTCCCGCTCCGAGATCCGTC 6900
QY 6901 AGGAGTGTCAATGCTGTAAGAGCTGCAAGAGTGAAGAGTCTTCAAACT 6960
DB 6901 AGGAGTGTCAATGCTGTAAGAGCTGCAAGAGTGAAGAGTCTTCAAACT 6960
QY 6961 CCCCTCTTCAACACCTGTTCTAAGTGGCAGTCCGCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
DB 6961 CCCCTCTTCAACACCTGTTCTAAGTGGCAGTCCGCTGTTGGAGCGGGTGA 7020

QY 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTGGATGTCATGACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
DB 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTGGATGTCATGACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
QY 7081 TTTTACCAGTTACCTCTCCCAAAAGAGTCTCTGAATGCTCAGACGAAAGTTGGTGCAC 7140
DB 7081 TTTTACCAGTTACCTCTCCCAAAAGAGTCTCTGAATGCTCAGACGAAAGTTGGTGCAC 7140
QY 7141 GGCTACAAACGGTTTCCAGTACGTTACGTTGCGCGCCGCTAAGATCAAGGGGAAAGGA 7200
DB 7141 GGCTACAAACGGTTTCCAGTACGTTACGTTGCGCGCCGCTAAGATCAAGGGGAAAGGA 7200
QY 7201 TTCCACTCACTGACGCGCCCGCAACCGGCTTACAAAAGAAAGTTGGAAAGATGAGTT 7260
DB 7201 TTCCACTCACTGACGCGCGCCCGCAACCGGCTTACAAAAGAAAGTTGGAAAGATGAGTT 7260
QY 7261 TTGCTGAGCATGAGCTTACCTGAGCCGACGCTGATTAAGTTCAAAACTGCTTCAAACT 7320
DB 7261 TTGCTGAGCATGAGCTTACCTGAGCCGACGCTGATTAAGTTCAAAACTGCTTCAAACT 7320
QY 7321 TCTGTGCAACTCGGGCACTCACTAGTGTTCCTCAAAACAAAGATCATTTGGTATGT 7380
DB 7321 TCTGTGCAACTCGGGCACTCACTAGTGTTCCTCAAAACAAAGATCATTTGGTATGT 7380
QY 7381 GACTAGCCCGGGATGCGAGCTTAGAAAAACAAAGTCACTATTATAGAACACTCT 7440
DB 7381 GACTAGCCCGGGATGCGAGCTTAGAAAAACAAAGTCACTATTATAGAACACTCT 7440
QY 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAGAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
DB 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAGAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
QY 7501 CGGATGCAATGAGGACATATGATGAATGAGAGCTCAACGCGCTTAAAGTCTGTAAGTC 7560
DB 7501 CGGATGCAATGAGGACATATGATGAATGAGAGCTCAACGCGCTTAAAGTCTGTAAGTC 7560
QY 7561 CCAATCATCTGAGCTTGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGACGCGCGCAAGCTGTTCT 7620
DB 7561 CCAATCATCTGAGCTTGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGACGCGCGCAAGCTGTTCT 7620
QY 7621 GGACTTGCAAGATGTGTGAGGAGGTGATACCGAGTCAATTAATGCGCAACTGTGAT 7680
DB 7621 GGACTTGCAAGATGTGTGAGGAGGTGATACCGAGTCAATTAATGCGCAACTGTGAT 7680
QY 7681 AGTTCAAAGAGAGAGTCTTGTGAAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAACCCCAAG 7740
DB 7681 AGTTCAAAGAGAGAGTCTTGTGAAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAACCCCAAG 7740
QY 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAATGAGATGTTGAAAGATGTAACGTCAGT 7800
DB 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAATGAGATGTTGAAAGATGTAACGTCAGT 7800
QY 7801 TGCTCTGACGTAAGTAACTGTCAATGAGATGCTGTAAGAGTGAATCAAGTCACTGAC 7860
DB 7801 TGCTCTGACGTAAGTAACTGTCAATGAGATGCTGTAAGAGTGAATCAAGTCACTGAC 7860
QY 7861 TGCCTCTGACGTAAGTAACTGTCAATGAGATGCTGTAAGAGTGAATCAAGTCACTGAC 7920
DB 7861 TGCCTCTGACGTAAGTAACTGTCAATGAGATGCTGTAAGAGTGAATCAAGTCACTGAC 7920
QY 7921 AGTGTGTTTGAAGATACATCAACCCGAGATATCATGTGAGAGACATCTACTC 7980
DB 7921 AGTGTGTTTGAAGATACATCAACCCGAGATATCATGTGAGAGACATCTACTC 7980
QY 7981 AGCAGCTAAACCTAGGACCAACACGAGTGCATTTCAACCAATTTGCGAGGAGTATTA 8040
DB 7981 AGCAGCTAAACCTAGGACCAACACGAGTGCATTTCAACCAATTTGCGAGGAGTATTA 8040
QY 8041 CGCTGAGAGACCGATATGCTTATATGAGTCCGAGATGCAATTCGATGAGTGTAGTGC 8100
DB 8041 CGCTGAGAGACCGATATGCTTATATGAGTCCGAGATGCAATTCGATGAGTGTAGTGC 8100
QY 8101 TTCGGGCTTACTACTCAAGTTCAACAGTTGACTGCTGAGGAGTAAATGC 8160

DPVNSTLLPBERMARLPETPEPVNRGSLQVPGFYSDVKDLATGLITKDKAMKNYQVL
YSATGALSLTGVITKAVALLILGCSKYLIALCYLSICFGASGYPLRPVLPSSQS
YLQAGDVLSKAQVAPALLIFFICCYRCLRYALGIFPMALPLTFEFAAALQ
PDYDMWRLVAVGLVMAGRDGRHIALVGPMPVLMLTLTLHTPASAPEEITIG
LTPVAVLVMSRPGPRHLPRCALVNSYLMORMENPNTLBERPVLVCP
GATDALVTEVCVALLCLTSSASFEGDTSVRHRLMLRLCKGAMLSHYLAKF
LIVGNGVFFPKLHGDVLPNDPASKLPQEPPEPGARVYRNGRLACDITD
GLPVARLGDVLPAGLAMPDGMATAPFLQCSERGTSSAMVAVGIDPMTWT
IFRLGSLATSYMGCDNVLVYTAHSGKRLAPTSIHITVDANDODIYOPCSG
AGSLRSCSGETKCYLVRLGLSVENKSDPWCVCAGLPMALAKSSGAPLCSGS
HVTGMPFAANSRGSVSQIYVRPLVCQGHQYTAHATLDTKTPVPHRYVQILAT
GSGKSTKLPLSYMEKTEVLYNPVATTHSMQKMEATIGVANCFTNGCTNGAS
LTVSTYKMLTGACSRNVDVITCDECHATAITVLGKVLTEPASKNRLVVLATAT
PPGVLPTPHANITBEIQLTDEGTIPFHGKIKENIKKGRHLIFPATKRGDDELAMEIA
RKGIITAVSYRGCDSIKIPEDCVVATDLCTGYDTPSVYCSLMVEGTCHVD
PTFMGVRVCGVSAIVKGORGRTRGRAGIYYVGDSCPSGWPENCIYEADAK
AMVGLSTEAGTILDTYRTOGRLPAGLNDAMDLFSDMNPBSFVNTKRTADNY
LITRAQIQLCHQYTAAPNDPFRMGRBLGKPCCVLMRLDGAACGPESEVTRIO
MCFTEVNTSGTALAAGVAMAYLADITPGATCVRKWSITSPGATVAPVDEE
IVECASFIPLAMVAAIDKLSITITTSPTLETALKNTFSPHAAITLAIIEYC
CGVLTLDPNFPASCVFAFIAGITPLPKIKMPLSLFGALIASLTDARALAFMMG
AAGTALGTMVSVGFPMGLGGYAAASSTACLTCEKLMGEMPTMDLAGLYSAFNPA
GVGVLSACAMPLITTAGPDMHPRLLTMLASVTCNEYFIARDRILKILGLES
TPMSVIACTRMHTPTBEDGGLIAGLEIMQVYCNFVLCFNPAKNSVRLVATP
PEVSCQYKGPMLGSMLOARCPGAELEFVENGPALKYKGRSCNSWMAVPA
ARLCSARPPTDWTSLVNVGYADYCKEYELGDHIFVTASVNVCTOVPTLRA
VAVGVOCVLTGEBKPTMTTSACCYGPDGKGVKLPFRDGTPEVRQMLRDLL
ETDNCSTNNTPDEAAVSALVPEKLEARNOLLEALSADVTTKLPASIEBVRK
RQFARPTSLTPPPRSVPEVSCPEBLSQSDPLEGSPNLPSPSPVOTLMPPLLA
GECNPTALIGCAMETGEGDDLPSPYPRKSEWSDSESTATPASTVYTPPYPRKI
RGDSTQSPARKPTKKRLGSEFSCMSYTMVDVLSFKTASVLSATITSGFLQ
RSIYVTEPRDAELKOKVITINROLPFPPSHKOKASVVMVDYEVAAH
TPSSAKSHITGLRGDVRSGAARAVLIDOKVEAGEISHRQVATVKEPEVNT
POKTKRPPRLISYPLHMRCEKMYGQVAPVYKAVMDAGVFNDRPRVRLISM
MSPDVATCDTCTCFDSTITPEDIWEITDIYSAKLSQDRHAIKOLVAGPMT
AYDREIGYRRCSSGVYTTSSNSLTCWAKVAAAQAOAKMRFILICDDCTVIRK
SAGADAKOMARVYASWKKVWGAPQDQPOPKYSLELTSSVATSGIIGKCYF
LTRDPRILPGRCSLEGYNPSAMIGYLHNYCLAVNSALFEMOULPEKLE
TVPEWYDKVYTVPEDLPSIAGVHGIETAFSVYVRNNAELIRRSOLITMTPMPLRA
MRKARAVIASAKRSGAHAKLARFILMHNTSRPLPDDITSVARTTTPYCDVYSBE
GDVFVTPQRRLQKFLVYKLAIVFALGLVANGLAIS"
9041. .9397

3' UTR

Query Match 99.3%; Score 9329; DB 13; Length 9397;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9362; Conservative 0; Mismatches 35; Indels 2; Gaps 1;

QY 1 ACCAACAACACTCCAGTTTGTACACTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTAG 60
DB 1 ACCAACAACACTCCAGTTTGTACACTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTAG 60
QY 61 CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCGCTCTGAGAGGGTGAACCAACCTTAGAT 120
DB 61 CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCGCTCTGAGAGGGTGAACCAACCTTAGAT 120
QY 121 GTAGCGCGCGGGAATCTATGACGCTCGGCTATGACCAAGCGCAAGCTTAGATGCG 180
DB 121 GTAGCGCGCGGGAATCTATGACGCTCGGCTATGACCAAGCGCAAGCTTAGATGCG 180
QY 181 CCTGATGGGCGTTTCAATGGGTTCCGTTGCTGAGCGCTTTCAGCGCCCA 240
DB 181 CCTGATGGGCGTTTCAATGGGTTCCGTTGCTGAGCGCTTTCAGCGCCCA 240
QY 241 CCTCCAGATAGACGGCGGCACTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGCTACTACCAAGAGCG 300
DB 241 CCTCCAGATAGACGGCGGCACTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGCTACTACCAAGAGCG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGATACGCGCTCCGGAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGTAGATACGCGCTCCGGAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
QY 361 TGGATAGTTGGGCTTAGGCATCATACCGTACTGCTGATAGGCTCTTGCGAGGGGAT 420

DB 361 TGGATAGTTGGGCTTAGGCATCATACCGTACTGCTGATAGGCTCTTGCGAGGGAT 420
QY 421 CTGGAGCTCTCGTAGACCGTAGACCATGCGCTGATTTCTACTCAAAACAATCCGTAC 480
DB 421 CTGGAGCTCTCGTAGACCGTAGACCATGCGCTGATTTCTACTCAAAACAATCCGTAC 480
QY 481 TGCGCCAGAACCGCGCAAGAACCAAGACGACGAGCTTCAATCTGTGTCATTAAAC 540
DB 481 TGCGCCAGAACCGCGCAAGAACCAAGACGACGAGCTTCAATCTGTGTCATTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTGAAGGGGACAAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCA 600
DB 541 ATCTGTTGAAGGGGACAAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCA 600
QY 601 TTAACAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
DB 601 TTAACAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660
QY 661 TCAATGTTGGGGAACCGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 720
DB 661 TCAATGTTGGGGAACCGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 720
QY 721 TTAACCTTTGGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
DB 721 TTAACCTTTGGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
QY 781 GGCAGAGACCGGCTGTTGACACCACTGTCGACATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
DB 781 GGCAGAGACCGGCTGTTGACACCACTGTCGACATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
QY 841 CTGGAGCTAGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 900
DB 841 CTGGAGCTAGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 900
QY 901 TCCCTGTATGAGGGCGGGGTCACTGACCAAGACCAAAATCAACAAATCTTGACCAATTG 960
DB 901 TCCCTGTATGAGGGCGGGGTCACTGACCAAGACCAAAATCAACAAATCTTGACCAATTG 960
QY 961 CTGCGACGCTAATCAGTTATCTATGTTGTTCTCTTCCATCTTGCTTACACGAGCTGTTG 1020
DB 961 CTGCGACGCTAATCAGTTATCTATGTTGTTCTCTTCCATCTTGCTTACACGAGCTGTTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTCGGAAGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTAATCTCAACCCCTTCCAA 1080
DB 1021 TGTGATCTGTCGGAAGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTAATCTCAACCCCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGGAATGACGACGACCTCTTCTTGCTGACCAATGATTTGTTAGGGCGCTTGT 1140
DB 1081 TTGGAATGACGACGACCTCTTCTTGCTGACCAATGATTTGTTAGGGCGCTTGT 1140
QY 1141 GACCTGTAGACCGCTTGACATTTGTTGATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1200
DB 1141 GACCTGTAGACCGCTTGACATTTGTTGATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1200
QY 1201 GCTTGTAGGCACTGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1260
DB 1201 GCTTGTAGGCACTGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1260
QY 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGGGTTCTTGAAGGTTTATCGGTTGATGAGCGCAAGT 1320
DB 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGGGTTCTTGAAGGTTTATCGGTTGATGAGCGCAAGT 1320
QY 1321 CAGAGCTGTATCTTTCTTGAACCAATGCTTCAAGATACATACGCTATGCGACTAT 1380
DB 1321 CAGAGCTGTATCTTTCTTGAACCAATGCTTCAAGATACATACGCTATGCGACTAT 1380
QY 1381 GTTTAGAGATGATCACTACCTGCGGTTGGCGCTGATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
DB 1381 GTTTAGAGATGATCACTACCTGCGGTTGGCGCTGATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
QY 1441 GTGGTATCACTTCTCTTACGCTTATGCTTATGATGAGAGCACTCTGGAACCTGAT 1500

Db 1441 GTGGTACAGTTGCTCCTAGCGCTTAAGCTTTACATAGAAAGCACTCTGAAAACCCCAT 1500
Qy 1501 CAGGGTGGCCACTGGATGCTCAATAGCTAGTTTGTGCTGCTTGTATGATACATGTCC 1560
Db 1501 CAGGGTGGCCACTGGATGCTCAATAGCTAGTTTGTGCTGCTTGTATGATACATGTCC 1560
Qy 1561 TTGGCACTCTTTTATGAGAGAAATGTGACAGAGCATTTGTATACAGTCCAAAGGAGAC 1620
Db 1561 TTGGCACTCTTTTATGAGAGAAATGTGACAGAGCATTTGTATACAGTCCAAAGGAGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTAGATATTAACAATCAATCTTGTGTACCCCTATACATCCCTG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTAGATATTAACAATCAATCTTGTGTACCCCTATACATCCCTG 1680
Qy 1681 TTGGAGGGAGATGATAGTTAAATTTCAAAAATTAACATGAGGTTGTGCGAATTCGCA 1740
Db 1681 TTGGAGGGAGATGATAGTTAAATTTCAAAAATTAACATGAGGTTGTGCGAATTCGCA 1740
Qy 1741 TTGGCCATGCTGCTGCACTATGGGCACTGATGCAAGTGAAGCACTCGCAACTTA 1800
Db 1741 TTGGCCATGCTGCTGCACTATGGGCACTGATGCAAGTGAAGCACTCGCAACTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATCGGTGTAAACAATGCTTAAACAACCGCATGSCAACAGGCTCAGCCCTGA 1860
Db 1801 CGAAGTATCGGTGTAAACAATGCTTAAACAACCGCATGSCAACAGGCTCAGCCCTGA 1860
Qy 1861 ATTGGCTATATTAATCAATACCTGCGGTCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAATCAATACCTGCGGTCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCACTTTGTATTTTGAAGGAAATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGTGA 1980
Db 1921 AGGCACTTTGTATTTTGAAGGAAATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGTGA 1980
Qy 1981 TTTCACCTCTCTAACAACCGGAGAGTGGCTAGTTCGCCGATGCCCACTGTGTAG 2040
Db 1981 TTTCACCTCTCTAACAACCGGAGAGTGGCTAGTTCGCCGATGCCCACTGTGTAG 2040
Qy 2041 TTGGTCTTGTGTTACAGGTTCCGACAGGTTTTCAGTATGTGAAGACCTTAGCCACAG 2100
Db 2041 TTGGTCTTGTGTTACAGGTTCCGACAGGTTTTCAGTATGTGAAGACCTTAGCCACAG 2100
Qy 2101 ATTGATCACCAAGAACAAGCCGTGAAAAATTATCAGGTCTTATATTCGCCACAGGATG 2160
Db 2101 ATTGATCACCAAGAACAAGCCGTGAAAAATTATCAGGTCTTATATTCGCCACAGGATG 2160
Qy 2161 TTGTCTCTTACCGGAGTTACCAACAAGCCGTGTGCTAATTCGTGGGGTTGTGTG 2220
Db 2161 TTGTCTCTTACCGGAGTTACCAACAAGCCGTGTGCTAATTCGTGGGGTTGTGTG 2220
Qy 2221 CAGCAGATATCTTATTTAGCCTACCTGTACTGTCCCTTGTGTTGGGCGCCCTTC 2280
Db 2221 CAGCAGATATCTTATTTAGCCTACCTGTACTGTCCCTTGTGTTGGGCGCCCTTC 2280
Qy 2281 TTGGTACCCCTTGGCGCTGTGCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGAGCGGATG 2340
Db 2281 TTGGTACCCCTTGGCGCTGTGCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGAGCGGATG 2340
Qy 2341 TTGTCTTAAAGCTCAAGTAGCTCTTGTGCTTGAATTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Db 2341 TTGTCTTAAAGCTCAAGTAGCTCTTGTGCTTGAATTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGGCTACGTATAGCTGCTTGTGAGGTTGTGCCATGCTGCGGCTGTGCCCC 2460
Db 2401 CTGCAAGGCTACGTATAGCTGCTTGTGAGGTTGTGCCATGCTGCGGCTGTGCCCC 2460
Qy 2461 AACTTCTTGTGAGAGAGCTGCTCCCAACAAGATTAATGATGAGTGGGTGAGCTGCT 2520
Db 2461 AACTTCTTGTGAGAGAGCTGCTCCCAACAAGATTAATGATGAGTGGGTGAGCTGCT 2520
Qy 2521 AGTGCAGAGGTTAGTTTGTGTGGCCGAGCTTAAACGTGTGACCGGATAGCTCTGTGT 2580
Db 2521 AGTGCAGAGGTTAGTTTGTGTGGCCGAGCTTAAACGTGTGACCGGATAGCTCTGTGT 2580

Qy 2581 AGGCTTTGGGCTCTGATAGGCTTTTAAACCTTGTGACATTTGTTAGCCTGCTCAGC 2640
Db 2581 AGGCTTTGGGCTCTGATAGGCTTTTAAACCTTGTGACATTTGTTAGCCTGCTCAGC 2640
Qy 2641 TTTTATACCCAGATATTTGAGAGGCTGACATACACCTGTAGTAGCATTAAGTGTCT 2700
Db 2641 TTTTATACCCAGATATTTGAGAGGCTGACATACACCTGTAGTAGCATTAAGTGTCT 2700
Qy 2701 GTCTGTTTGGCTTCTTGTGCTCACTTGTACCTGTGTGCTTAACTCCATCT 2760
Db 2701 GTCTGTTTGGCTTCTTGTGCTCACTTGTACCTGTGTGCTTAACTCCATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGGTTGGGGAATGTTTTGGAAGTTACACTAAGACCGGAGGTTTTCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGGTTGGGGAATGTTTTGGAAGTTACACTAAGACCGGAGGTTTTCT 2820
Qy 2821 TTGTGCTGTTTGTTCCTCCGAGGACATATGACGCGCTGTGACTTTCGTGTGTCA 2880
Db 2821 TTGTGCTGTTTGTTCCTCCGAGGACATATGACGCGCTGTGACTTTCGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTCCAGTGCAGATGCTTCTTGGGACTGACTTAGG 2940
Db 2881 CGTAGCTCTCTATGTTTAACTCCAGTGCAGATGCTTCTTGGGACTGACTTAGG 2940
Qy 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGTGCGCTGCGAAAGTGTCAATGCTGGATTTCTAATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGTGCGCTGCGAAAGTGTCAATGCTGGATTTCTAATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAATTTTCTCTTATAGTTTGTGAGATGTTGTTTCTATAGACACTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAATTTTCTCTTATAGTTTGTGAGATGTTGTTTCTATAGACACTTGA 3060
Qy 3061 TTGTATGTTCTTGTCTTATGATTTTGTGCTCGAACTTACATTTGCAAGACCATTTTCCC 3120
Db 3061 TTGTATGTTCTTGTCTTATGATTTTGTGCTCGAACTTACATTTGCAAGACCATTTTCCC 3120
Qy 3121 TTTTAAAGCAAGGCAAGGCTATAGAAATGAAGAAACGCTTGGCTGTGGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTAAAGCAAGGCAAGGCTATAGAAATGAAGAAACGCTTGGCTGTGGGAGAC 3180
Qy 3181 GGTATAGTTTGTCCCGTGTGCGGTCTCGGCACTTGTGTTTGCAGGTTGTGCTAT 3240
Db 3181 GGTATAGTTTGTCCCGTGTGCGGTCTCGGCACTTGTGTTTGCAGGTTGTGCTAT 3240
Qy 3241 GCGCCAGATGGGTGGGCTTATACCGACCTTTTACGCTGCAAGTCTCTTGAAGGTG 3300
Db 3241 GCGCCAGATGGGTGGGCTTATACCGACCTTTTACGCTGCAAGTCTCTTGAAGGTG 3300
Qy 3301 CAGGCTGTACAGATGAGGCTATGACCTGTATGACCCCGCACTTGAAC 3360
Db 3301 CAGGCTGTACAGATGAGGCTATGACCTGTATGACCCCGCACTTGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAATAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAATAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
Qy 3421 GTATACGCTCAACATGACGAGGAGGCGGCTGTATCCCAAGGCTCCATPAC 3480
Db 3421 GTATACGCTCAACATGACGAGGAGGCGGCTGTATCCCAAGGCTCCATPAC 3480
Qy 3481 CCCAATTAACGTTGACGCGGCTATGACAGGACATCTATCAACCAATGTGGAAGTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACGTTGACGCGGCTATGACAGGACATCTATCAACCAATGTGGAAGTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTCGGTGCTTGTGCGGAGACCAAGGATCTGTGTAAACGACTGGGCTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTCGGTGCTTGTGCGGAGACCAAGGATCTGTGTAAACGACTGGGCTC 3600
Qy 3601 ATTGGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGCGGGCCCTTCCAT 3660
Db 3601 ATTGGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGCGGGCCCTTCCAT 3660

QY 3661 GGGCTTTGCCAAGGGTCTTCAAGTGGCCCGCAATCTGTGCTCTCCGGGACATGTTATTGG 3720
Db 3661 GGGCTTTGCCAAGGGTCTTCAAGTGGCCCGCAATCTGTGCTCTCCGGGACATGTTATTGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTCGCGGGTTCAGTCAAGTAAGTTAGGGTTAGCCCTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTCGCGGGTTCAGTCAAGTAAGTTAGGGTTAGCCCTT 3780
QY 3781 GGTGTGCTGAGTATCAATCCCAAGTACAGACAGCATGCACTCTGATACAAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGCTGAGTATCAATCCCAAGTACAGACAGCATGCACTCTGATACAAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTACAGATATTAGTCAAAATTTAATGCCCCCACTGGCAGCGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTACAGATATTAGTCAAAATTTAATGCCCCCACTGGCAGCGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTCACACTTCTTCAATGAGAGAGATAGAGGTCTGTGCTCAAAATCCCAAGT 3960
Db 3901 CAAATTCACACTTCTTCAATGAGAGAGATAGAGGTCTGTGCTCAAAATCCCAAGT 3960
QY 3961 GGGCTACACACAGCATCAATGCCAAGTACATGCAAGCATGCAAGCGGTGAATCCAAATG 4020
Db 3961 GGGCTACACACAGCATCAATGCCAAGTACATGCAAGCATGCAAGCGGTGAATCCAAATG 4020
QY 4021 CTATTTTAATGCAAAATGACCAACAGCGGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGCGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGCAAAATGACCAACAGCGGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGCGAT 4080
QY 4081 GTACTCTGACCGAGAGATGTTCCCGAATATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACTCTGACCGAGAGATGTTCCCGAATATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGCATTTGAAAGGTCTTAACCGAAGCTCCATCAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGCATTTGAAAGGTCTTAACCGAAGCTCCATCAAAA 4200
QY 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTCCGACGGCTACCCCTCGAGTAATCCCTACACCAATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTCCGACGGCTACCCCTCGAGTAATCCCTACACCAATGC 4260
QY 4261 CAACATATCTGAGATTCATTAACCGATGAGAGCATATCCCTTTCATGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATATCTGAGATTCATTAACCGATGAGAGCATATCCCTTTCATGAAAAAGAT 4320
QY 4321 TAAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACCTTATCTTTAGGCTACAAAAAACA 4380
Db 4321 TAAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACCTTATCTTTAGGCTACAAAAAACA 4380
QY 4381 TGATGAGCTTGCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGAAATACAGCTGTCTTCTTAATAGGG 4440
Db 4381 TGATGAGCTTGCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGAAATACAGCTGTCTTCTTAATAGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGTAGTATGCTCAATGCTTTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGTAGTATGCTCAATGCTTTG 4500
QY 4501 TACAGGGTACACTGAGTCTTGAATCCGTATGATGCTGAGCTCAATGATGAGAGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGAGTCTTGAATCCGTATGATGCTGAGCTCAATGATGAGAGAC 4560
QY 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACTTTCACCATGAGGTGTGTGTGTGCGGGTTTACG 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACTTTCACCATGAGGTGTGTGTGTGCGGGTTTACG 4620
QY 4621 AATAGTTTAAAGCCAGGCTAGGGGCGGACAGCGCGGTGGAGACCTGCAATATCTCTA 4680
Db 4621 AATAGTTTAAAGCCAGGCTAGGGGCGGACAGCGCGGTGGAGACCTGCAATATCTCTA 4680
QY 4681 TGTAGACGGAGTGTACCCCTTGGGGTATGTTCTGAAATGCAACATTTGTAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGTGTACCCCTTGGGGTATGTTCTGAAATGCAACATTTGTAAGCTT 4740
QY 4741 CGACGACGCCAAGGCATGTAATGTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC 4800
Db 4741 CGACGACGCCAAGGCATGTAATGTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC 4800
QY 4801 CTATGACACCCAACTGGGTTAATCGGATGAGAGCAAAATTTGACAGAGTGGCGATCT 4860
Db 4801 CTATGACACCCAACTGGGTTAATCGGATGAGAGCAAAATTTGACAGAGTGGCGATCT 4860
QY 4861 CTTTTCATAGGTCAACCCCGAATCTTCAATTTGTCAATACGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTTCATAGGTCAACCCCGAATCTTCAATTTGTCAATACGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGACTGAGCCCACTAACCTGTGTCATGATAGTATGCTATGCTCTC 4980
Db 4921 TTATGTTTGTGACTGAGCCCACTAACCTGTGTCATGATAGTATGCTATGCTCTC 4980
QY 4981 CAATGAGCAACAGGTGGGAGAGAGCCGGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGAGCAACAGGTGGGAGAGAGCCGGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTCTGTG 5040
QY 5041 GCGCTTGGAGCGGCTGACCGCTGTCTGTGCGCCAGAGCCGACGAGTGAACGATACCA 5100
Db 5041 GCGCTTGGAGCGGCTGACCGCTGTCTGTGCGCCAGAGCCGACGAGTGAACGATACCA 5100
QY 5101 AATGTCTTCACTGAGTCAATCTTCTGAGACAGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
Db 5101 AATGTCTTCACTGAGTCAATCTTCTGAGACAGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
QY 5161 GGGCTATGGCTTATACCAATGACATTTTGGGCACTTGTGTGCGCGCTGTGCTG 5220
Db 5161 GGGCTATGGCTTATACCAATGACATTTTGGGCACTTGTGTGCGCGCTGTGCTG 5220
QY 5221 TATTGATCAAGTCCCTACCGGTGTACTGTGCGCCAGAGTGTGACGAAAGAAATG 5280
Db 5221 TATTGATCAAGTCCCTACCGGTGTACTGTGCGCCAGAGTGTGACGAAAGAAATG 5280
QY 5281 GAGAGAGTGTGATCAATCTTCTTGGAGGCCATGCTGCTCAATGATGATGAGTAA 5340
Db 5281 GAGAGAGTGTGATCAATCTTCTTGGAGGCCATGCTGCTCAATGATGATGAGTAA 5340
QY 5341 GAGTACAAATCAACCAATGATGCTTCAATGGAAGAAACCGCTTGAAGAACTTAAC 5400
Db 5341 GAGTACAAATCAACCAATGATGCTTCAATGGAAGAAACCGCTTGAAGAACTTAAC 5400
QY 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACATCAATCTTGTATGATGAGTATGCTGTGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACATCAATCTTGTATGATGAGTATGCTGTGTTAGT 5460
QY 5461 CACTTACTGACAAATCCCTTGTGATGATGAGTGTGCTTCAATGCGGATATTAAC 5520
Db 5461 CACTTACTGACAAATCCCTTGTGATGATGAGTGTGCTTCAATGCGGATATTAAC 5520
QY 5521 CCCACTACCTCAAGATCAAAATGTCCTGTCAATTTGAGAGCGCAATTTGCTCAA 5580
Db 5521 CCCACTACCTCAAGATCAAAATGTCCTGTCAATTTGAGAGCGCAATTTGCTCAA 5580
QY 5581 GCTTACAGAGCTAGAGGCGCACTGCGCTCATGATGAGCGGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGAGCTAGAGGCGCACTGCGCTCATGATGAGCGGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
QY 5641 TGTGATGATGACATGAGTGGGTTTGTCTTGTACATGCTAGCGGCTATGCTGCGCTC 5700
Db 5641 TGTGATGATGACATGAGTGGGTTTGTCTTGTACATGCTAGCGGCTATGCTGCGCTC 5700
QY 5701 ATCCATGCTTGTGCTGATTAATGCTTGAATGAGTGGGCCCATGATGATGATGCT 5760
Db 5701 ATCCATGCTTGTGCTGATTAATGCTTGAATGAGTGGGCCCATGATGATGATGCT 5760
QY 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5820
Db 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5820
QY 5821 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5880
Db 5821 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5880

Db 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTGAACAAGCAGGCGCAATCACTGGCCCCAAGACATTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTTGCTAGAGCAACACTGATGTAATGATACCTTTATTTGCCACTCGGACATCCG 5940
Db 5881 TATGCTTGCTAGAGCAACACTGATGTAATGATACCTTTATTTGCCACTCGGACATCCG 5940
Qy 5941 CAGGAAGATACCTGGGCAATCTGGAGGCATCTACCCCCCTGGAGGTGATACAGCTTGCAT 6000
Db 5941 CAGGAAGATACCTGGGCAATCTGGAGGCATCTACCCCCCTGGAGGTGATACAGCTTGCAT 6000
Qy 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATTTGCGGCTCATTTGCTTGGGGCTAGAGAT 6060
Db 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATTTGCGGCTCATTTGCTTGGGGCTAGAGAT 6060
Qy 6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTTGTGATTTTGTCTTAAATGTCTTAAAGCTGGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTTGTGATTTTGTCTTAAATGTCTTAAAGCTGGAGTTCA 6120
Qy 6121 GAGCAGTGTAAACATTCCTGGTTGTCTCTTCAAGCTGCGAAGGGGGTACAGGGGGCC 6180
Db 6121 GAGCAGTGTAAACATTCCTGGTTGTCTCTTCAAGCTGCGAAGGGGGTACAGGGGGCC 6180
Qy 6181 CTGGATTTGATCAGGATGCTCCAGACAGCTGTCCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGGATTTGATCAGGATGCTCCAGACAGCTGTCCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGGAATTTGTTTTCAGAACTTTTACAAAGAACCCAGAACTTTGTTCAAAATTAACGAG 6300
Db 6241 TGTGGAATTTGTTTTCAGAACTTTTACAAAGAACCCAGAACTTTGTTCAAAATTAACGAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAAGCTAAGGCTGTGTGGGTGGCTAGACCGGACCCCACTGATG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAAGCTAAGGCTGTGTGGGTGGCTAGACCGGACCCCACTGATG 6360
Qy 6361 GACTAGCTTGTGCTCAATTAATGAGGAGCTAATGTAATATGAGAAATGGAG 6420
Db 6361 GACTAGCTTGTGCTCAATTAATGAGGAGCTAATGTAATATGAGAAATGGAG 6420
Qy 6421 TCAATTTTGTGTTACAGCAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCAGGTGCCCCA 6480
Db 6421 TCAATTTTGTGTTACAGCAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCAGGTGCCCCA 6480
Qy 6481 CTGGAAGCTGAGTGGCGGTGAGCGGCGTACAGGTTACGTTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Db 6481 CTGGAAGCTGAGTGGCGGTGAGCGGCGTACAGGTTACGTTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Qy 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTACAGGCTCTGACGCTGAAGGTTAAACTGTGTA 6600
Db 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTGTGTTACGCTCTGACGCTGAAGGTTAAACTGTGTA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCCGCTGAGCGGTCAACAACCTGTGTGCGATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCCGCTGAGCGGTCAACAACCTGTGTGCGATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Qy 6661 GCTTCCCTTCCGCTGAGCGGTCAACAACCTGTGTGCGATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Db 6661 GCTTCCCTTCCGCTGAGCGGTCAACAACCTGTGTGCGATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Qy 6661 TGCACCTTGAAGAAATGACGTGTAATTCACAAACCACTCTAGTGAAGAACCCAGT 6720
Db 6661 TGCACCTTGAAGAAATGACGTGTAATTCACAAACCACTCTAGTGAAGAACCCAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGATTTGGGCGTTACAAACCAATTTCTTGAAGCAATTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGATTTGGGCGTTACAAACCAATTTCTTGAAGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGCGTTGACACCAACCTGCGAGCCCCCTCCATGCAAGAGATGTGTAAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGCGTTGACACCAACCTGCGAGCCCCCTCCATGCAAGAGATGTGTAAAGAA 6840
Qy 6841 GGGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGGTTCGCTTACCTTGGCCCCCTCCGAGATCCGTTCC 6900
Db 6841 GGGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGGTTCGCTTACCTTGGCCCCCTCCGAGATCCGTTCC 6900
Qy 6901 AGGAGTGTATGTCTTGAAAGCTGCAAGAACTGACCCGTTTGAAGAGTCTTTCAAACT 6960
Db 6901 AGGAGTGTATGTCTTGAAAGCTGCAAGAACTGACCCGTTTGAAGAGTCTTTCAAACT 6960

Qy 6961 CCGTCCCTTCAACAACCTGTCTTACAGTTGGCCATGCGAATGCCCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
Db 6961 CCGTCCCTTCAACAACCTGTCTTACAGTTGGCCATGCGAATGCCCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGGAACAGGCGAGGCTGTATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGGAACAGGCGAGGCTGTATGA 7080
Qy 7081 TTTACCCAGTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTGTGAATGTGACAGCAAGAAATTGTGAC 7140
Db 7081 TTTACCCAGTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTGTGAATGTGACAGCAAGAAATTGTGAC 7140
Qy 7141 GGGTCAACCCGTTTCCAGTACGTTACGAGCCCCCGTACCTTAAGATACGAGGAAAGGA 7200
Db 7141 GGGTCAACCCGTTTCCAGTACGTTACGAGCCCCCGTACCTTAAGATACGAGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTTCACTAGTACGCCCCCGCAAAAGGCTCTCAAAAAAGAAAGTTGGAAAGTGAAT 7260
Db 7201 TTTCACTAGTACGCCCCCGCAAAAGGCTCTCAAAAAAGAAAGTTGGAAAGTGAAT 7260
Qy 7261 TTTGTCAGCATGACCTACCTGGAACCGAGTGAATTAAGCTTCAAACTGCTTCAAGT 7320
Db 7261 TTTGTCAGCATGACCTACCTGGAACCGAGTGAATTAAGCTTCAAACTGCTTCAAGT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTGGGCGCATCATAGTGTCTTCTCAAAAGAAATCATTTGGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTGGGCGCATCATAGTGTCTTCTCAAAAGAAATCATTTGGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTAGCCGCGGAGTGGGAGCTTGAAGAAACAAAGAAAGTCACTAATTAATAGCAACTCT 7440
Db 7381 GACTAGCCGCGGAGTGGGAGCTTGAAGAAACAAAGAAAGTCACTAATTAATAGCAACTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATATACCAACAGCAATGAGATTGCTTAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATATATACCAACAGCAATGAGATTGCTTAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CCGTGTCAATGTGGAGCTATGAGAAATGAGTACACTCAACGCCCTCAATGCTGTAAATG 7560
Db 7501 CCGTGTCAATGTGGAGCTATGAGAAATGAGTACACTCAACGCCCTCAATGCTGTAAATG 7560
Qy 7561 CCACATCACTGCGCTTCCGGGCACTGATGTTGTTCTGGAAGACGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCACATCACTGCGCTTCCGGGCACTGATGTTGTTCTGGAAGACGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGAATTTGCAAGATGTGTGAGGCAAGGTGAGATACCGAGTCAATATCCGCAAACTGTAT 7680
Db 7621 GGAATTTGCAAGATGTGTGAGGCAAGGTGAGATACCGAGTCAATATCCGCAAACTGTAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTCTTGTGTAAGACCCCCCAAGAAACCAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTCTTGTGTAAGACCCCCCAAGAAACCAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGTGTTGAAGATGTAAGTCAAGTCAAGT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGTGTTGAAGATGTAAGTCAAGTCAAGT 7800
Qy 7801 TGCCTCGACGTATTAAGCTGTATGGAATGATCGGAGTTGTATGATCCAGTAC 7860
Db 7801 TGCCTCGACGTATTAAGCTGTATGGAATGATCGGAGTTGTATGATCCAGTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGGCTGTGTGTGATGTGACCCCAATGCAAGTCCGACCAATGCGATAC 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGGCTGTGTGTGATGTGACCCCAATGCAAGTCCGACCAATGCGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTTATC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTTATC 7980
Qy 7981 AGCAGTAAACTCAAGTACCAACCCGAGTGGCATTTCAACCATTTGCGAGGCAATTAT 8040
Db 7981 AGCAGTAAACTCAAGTACCAACCCGAGTGGCATTTCAACCATTTGCGAGGCAATTAT 8040

OY	8041	CCCTGGAGGACCGATGATGCTTATGATGAGCGGAGAGATCCGATATCGTAGGTGATGCTC	8100
Db	8041	CCCTGGAGGACCGATGATGCTTATGATGAGCGGAGAGATCCGATATCGTAGGTGATGCTC	8100
OY	8101	TTCCGGCGCTCTATCTACTCCAGTTCCCAACAGTTTGA	8160
Db	8101	TTCCGGCGCTCTATCTACTCCAGTTCCCAACAGTTTGA	8160
OY	8161	TGCACCCCAACAGGCTGGATGMAAACCTTCGTTCTTATTTGGCGCATGATTTGCAC	8220
Db	8161	TGCACCCCAACAGGCTGGATGMAAACCTTCGTTCTTATTTGGCGCATGATTTGCAC	8220
OY	8221	CGTATTTTGGAGAGCGCCGAGCATGACACAACAAAGCAATGCGTCTTTGGCTAG	8280
Db	8221	CGTATTTTGGAGAGCGCCGAGCATGACACAACAAAGCAATGCGTCTTTGGCTAG	8280
OY	8281	CTGGATGAAAGTGATGGGTGCACCAAGATTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA	8340
Db	8281	CTGGATGAAAGTGATGGGTGCACCAAGATTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA	8340
OY	8341	AGATTTAACATCATCTCATCAATGTTTACCTGTGAAATTACCAAAATGCGAACCTTAA	8400
Db	8341	AGATTTAACATCATCTCATCAATGTTTACCTGTGAAATTACCAAAATGCGAACCTTAA	8400
OY	8401	CTACTTTCTTACAAAGATCCGATCCCTCCGAGGGCTGCGCGAGGGCTGTGG	8460
Db	8401	CTACTTTCTTACAAAGATCCGATCCCTCCGAGGGCTGCGCGAGGGCTGTGG	8460
OY	8461	ATACAAACCCAGTGTGCTGGAGATTGGGTATCTAATACATCACTAACCATGTTTGTGGAT	8520
Db	8461	ATACAAACCCAGTGTGCTGGAGATTGGGTATCTAATACATCACTAACCATGTTTGTGGAT	8520
OY	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTCAAGAGCAATGCTCTTTGAGACAACATTTCCGA	8580
Db	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTCAAGAGCAATGCTCTTTGAGACAACATTTCCGA	8580
OY	8581	GACGGTGACCTTTGACGTGTATGGGAAATTAATACGGTGCCTGTAGAAAGATCTGCCAG	8640
Db	8581	GACGTGTACCTTTGACGTGTATGGGAAATTAATACGGTGCCTGTAGAAAGATCTGCCAG	8640
OY	8641	CATCATTTCTGTGTGCAACGGTATTTGAGAGCTTCTCGTGTGTGGCTACCAACAGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTCTGTGTGTGCAACGGTATTTGAGAGCTTCTCGTGTGTGGCTACCAACAGCTGA	8700
OY	8701	GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACACATGACCAATGCCCTCCCTGCGAGCTGTGCG	8760
Db	8701	GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACACATGACCAATGCCCTCCCTGCGAGCTGTGCG	8760
OY	8761	AAAGAAACCCAGGGGGGTCTCCGACGGCCCAAGAGGTGTGGGAGACACGCAAAATT	8820
Db	8761	AAAGAAACCCAGGGGGGTCTCCGACGGCCCAAGAGGTGTGGGAGACACGCAAAATT	8820
OY	8821	GGCTGTGCTCTTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTTACCAAGATTTGGATTAGACGAG	8880
Db	8821	GGCTGTGCTCTTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTTACCAAGATTTGGATTAGACGAG	8880
OY	8881	CGTGGCTCGTACACCACTTTCAATTATGTGATGTTTACTCCCGAGGGGGATGTGTT	8940
Db	8881	CGTGGCTCGTACACCACTTTCAATTATGTGATGTTTACTCCCGAGGGGGATGTGTT	8940
OY	8941	TATTAACCAACAGAAATATGCGAAGTCTTGTGTGAAGTATTTGGCTGTCAATGTTTTT	9000
Db	8941	TATTAACCAACAGAAATATGCGAAGTCTTGTGTGAAGTATTTGGCTGTCAATGTTTTT	9000
OY	9001	TGCCCTAGGGCTCATGTGCTGTGGATTAGCATCAGCTGAACCCCAAAATTCAAAAATTA	9060
Db	9001	TGCCCTAGGGCTCATGTGCTGTGGATTAGCATCAGCTGAACCCCAAAATTCAAAAATTA	9060
OY	9061	CTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCAAGGCGCAACAGGGAGACCCCGGCG	9120
Db	9061	CTAACAG - TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCAAGGCGCAACAGGGAGACCCCGGCG	9118
OY	9121	TTTAAAGACCCCGCGATGTAGTTTTGGCGACCAATGTGTGATCAGAACCGTTTTCGGGTGA	9180

Db	Sequence	Score	DB	Length	9139	Indels	Gaps
Db	9119 TTAAAGACCCCGCCCATGTGAATTGGCGAACCATGTGATCAAGACCGTTGGGTGAA						9178
Qy	9181 GCCATGCTCTGAAGGGAGATGACGTCCCTTCTGAGCTCATCACAAAAACCGTCTCGGGTGG						9240
Db	9179 GCCATGCTCTGAAGGGAGATGACGTCCCTTCTGAGCTCATCACAAAAACCGTCTCGGGTGG						9238
Qy	9241 GTGAGAGATCTCTGCTGTGTGGGAAGCACTCACTATTAATTCCTCGTGTGTGTGACGC						9300
Db	9239 GTGAGAGATCTCTGCTGTGTGGGAAGCACTCACTATTAATTCCTCGTGTGTGTGACGC						9298
Qy	9301 CTCACGACGATATTGTTCGCGCTGTGAGAGCGTATGATCAAGAGGCTCACCCGGTTTTG						9360
Db	9299 CTCACGACGATATTGTTCGCGCTGTGAGAGCGTATGATCAAGAGGCTCACCCGGTTTTG						9358
Qy	9361 TTCCAAGCGAGGGCAACCCCGCTTGGAAATTTAAACT 9399						
Db	9359 TTCCAAGCGAGGGCAACCCCGCTTGGAAATTTAAACT 9397						
RESULT 6							
AX057394							
LOCUS	AX057394	9139 bp	DNA	linear	PAT 17-JAN-2001		
DEFINITION	Sequence 3 from Patent WO075337.						
ACCESSION	AX057394						
VERSION	AX057394.1	GI:12310133					
KEYWORDS							
SOURCE							
ORGANISM	Hepatitis GB virus B						
REFERENCE	Hepatitis GB virus B						
AUTHORS	Vinuesa; sERNNA positive-strand viruses, no DNA stage; Flaviviridae.						
JOURNAL	Bukh, J., Yanagi, M., Emerson, S. U. and Purcell, R. H.						
FEATURES	Infectious cdna clone of gb virus b and uses thereof						
source	Patent: WO 0075337-A 3 14-DEC-2000;						
	THE GOVERNMENT OF THE UNITED STATES OF AMERICA (US)						
	location/Qualifiers						
	1..9139						
	/organism="Hepatitis GB virus B"						
	/mol_type="unassigned DNA"						
	/db_xref="taxon:39113"						
ORIGIN							
Query Match	97.0%; Score 9120.2; DB 6; Length 9139;						
Best Local Similarity	99.9%; Pred. No. 0;						
Matches 9125; Conservative	0; Mismatches 8; Indels 0; Gaps 0;						
Qy	1 ACCACAACACATCCAGTTGTTTACACTCCGCTAGAGAAATGCTCTGAGACCCCGCTAG						60
Db	1 ACCACAACACATCCAGTTGTTTACACTCCGCTAGAGAAATGCTCTGAGACCCCGCTAG						60
Qy	61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCCGCTCTGCAGAAAGGTGAGCCAACCACTTAGTAT						120
Db	61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCCGCTCTGCAGAAAGGTGAGCCAACCACTTAGTAT						120
Qy	121 GTAGCGGCGGGAATCTCATGACGCTGCGGTATGACAAAGCCCAAGCTTACTTGATGCG						180
Db	121 GTAGCGGCGGGAATCTCATGACGCTGCGGTATGACAAAGCCCAAGCTTACTTGATGCG						180
Qy	181 CCTATGGGCGCTTATGAGGTTCGAGGTGCGGTGCGGCTTTAGGACGCTCCAGGCCCA						240
Db	181 CCTATGGGCGCTTATGAGGTTCGAGGTGCGGTGCGGCTTTAGGACGCTCCAGGCCCA						240
Qy	241 CCTCCCAAGATAGACGCGCGGCACTGTAGAGGAAGCCGGGAGCCGGTCACTACCAAGAG						300
Db	241 CCTCCCAAGATAGACGCGCGGCACTGTAGAGGAAGCCGGGAGCCGGTCACTACCAAGAG						300
Qy	301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCGCTCCGGAAGTATGTTGGGCAAGCCCACTATATGT						360
Db	301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCGCTCCGGAAGTATGTTGGGCAAGCCCACTATATGT						360
Qy	361 TGGATGGTTGGGGTTAGCCATATCCGATACCGTACGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT						420
Db	361 TGGATGGTTGGGGTTAGCCATATCCGATACCGTACGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT						420

QY	421	CTGGAGTCTGTGAGACCGGTAGACATGCTCTGTTATTTCTACTGAACAGTCTGTATCC	480
Db	421	CTGGAGTCTGTGAGACCGGTAGACATGCTCTGTTATTTCTACTGAACAGTCTGTATCC	480
QY	481	TGCGCCCAAGACGGCAGAGAAACAAGACACGCAAGCTTCATATCTGTGTCACTTAATAAC	540
Db	481	TGCGCCCAAGACGGCAGAGAAACAAGACACGCAAGCTTCATATCTGTGTCACTTAATAAC	540
QY	541	ATCTGTGAAGGGGACAAACAGACAAACGCAAGTCCAGCGCATGTGCGGCTCGTAA	600
Db	541	ATCTGTGAAGGGGACAAACAGACAAACGCAAGTCCAGCGCATGTGCGGCTCGTAA	600
QY	601	TTACAAATTCCTGTGATTCGATGATGGTTGACAGATTTGGCTGAGGCTGTTGGCAGC	660
Db	601	TTACAAATTCCTGTGATTCGATGATGGTTGACAGATTTGGCTGAGGCTGTTGGCAGC	660
QY	661	TCATGTTGGGGACGCAACAGACCCCTGCGCATATAGTCTTCGCAATCTTGGAACTCTTGGA	720
Db	661	TCATGTTGGGGACGCAACAGACCCCTGCGCATATAGTCTTCGCAATCTTGGAACTCTTGGA	720
QY	721	TTACCTTTGGGGGTGGATTGGTGATGTTACAATCACTACACACCTCTAGTAGGGCCGCTGCT	780
Db	721	TTACCTTTGGGGGTGGATTGGTGATGTTACAATCACTACACACCTCTAGTAGGGCCGCTGCT	780
QY	781	GGCAGAGACGGTCGTTGACACAGTGTGCAATATAGTACGTTGCTGAGAGATGAGTCAA	840
Db	781	GGCAGAGACGGTCGTTGACACAGTGTGCAATATAGTACGTTGCTGAGAGATGAGTCAA	840
QY	841	CTGGGCTACTGGTTGGTTCCGCTGTCCACCTTTTGTGTGATGTCTGATCTTTTGGCGTG	900
Db	841	CTGGGCTACTGGTTGGTTCCGCTGTCCACCTTTTGTGTGATGTCTGATCTTTTGGCGTG	900
QY	901	TCCCTGTATGGGGGGCGGGGTCACTGACCCGACACAATAACCAATCCGACCAATGTG	960
Db	901	TCCCTGTATGGGGGGCGGGGTCACTGACCCGACACAATAACCAATCCGACCAATGTG	960
QY	961	CTGCAGGCGTATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGCCCTACACGAGCCTGGTTG	1020
Db	961	CTGCAGGCGTATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGCCCTACACGAGCCTGGTTG	1020
QY	1021	TGTATATCTGTGGGACAGATGCTGGGTTCCCGCCAAATCCGTAACATCTACACCCCTCCAA	1080
Db	1021	TGTATATCTGTGGGACAGATGCTGGGTTCCCGCCAAATCCGTAACATCTACACCCCTCCAA	1080
QY	1081	TTGAGACTGGACGACATCCTTCTTGGCTGACCACTGATTTTGTATGGGCGCTCTTGT	1140
Db	1081	TTGAGACTGGACGACATCCTTCTTGGCTGACCACTGATTTTGTATGGGCGCTCTTGT	1140
QY	1141	GACCTGTGACGCGCTTTGACATTTGTAAGTGTGTGTGCTGTATTAAGTCGGTACTGT	1200
Db	1141	GACCTGTGACGCGCTTTGACATTTGTAAGTGTGTGTGCTGTATTAAGTCGGTACTGT	1200
QY	1201	GCTTGTACAGGCACTGGGCTTATTCATATPAGACCTCAATPAAAACTGGTACTCTGTATCTGGA	1260
Db	1201	GCTTGTACAGGCACTGGGCTTATTCATATPAGACCTCAATPAAAACTGGTACTCTGTATCTGGA	1260
QY	1261	AGTGGCCACTGGAATAAGATCTCGGGTTCCTTAGGGTTTATCGGGTGATAGCGCGCAAGT	1320
Db	1261	AGTGGCCACTGGAATAAGATCTCGGGTTCCTTAGGGTTTATCGGGTGATAGCGCGCAAGT	1320
QY	1321	CGAGGCTGTCACTTCTTGACCAAACTGGCTTCACAAGTACATACGCTATTTGGCATAT	1380
Db	1321	CGAGGCTGTCACTTCTTGACCAAACTGGCTTCACAAGTACATACGCTATTTGGCATAT	1380
QY	1381	GTTTAGCAGTGTACACTACTGGCGGTTGGCGCTGTGATCTTACTATATGCTCTCGGGGCA	1440
Db	1381	GTTTAGCAGTGTACACTACTGGCGGTTGGCGCTGTGATCTTACTATATGCTCTCGGGGCA	1440
QY	1441	GTTGATACGTTGTCTCTTAGCGCTTATGCTTTCATPAGACGACCTCTGAAACCTTAT	1500
Db	1441	GTTGATACGTTGTCTCTTAGCGCTTATGCTTTCATPAGACGACCTCTGAAACCTTAT	1500

QY	1501	CAGGGTGGCCACTGGATGCTCAATAGCTGAGTTTTCGCGCCTTGAATGATACCATGTC	1560
Db	1501	CAGGGTGGCCACTGGATGCTCAATAGCTGAGTTTTCGCTGCTTGTGATGATACCATGTC	1560
QY	1561	TTGGCACTTAATTTGAGTGAAGTATGATGTCAGAAGTCAATTTGTTCACAGTCCAAAGTGAAC	1620
Db	1561	TTGGCACTTAATTTGAGTGAAGTATGATGTCAGAAGTCAATTTGTTCACAGTCCAAAGTGAAC	1620
QY	1621	CAGGCTTACTCATAGATATTAACAATCCATATCTTGGTACCCTATACATATCCCTGG	1680
Db	1621	CAGGCTTACTCATAGATATTAACAATCCATATCTTGGTACCCTATACATATCCCTGG	1680
QY	1681	TGCGAGGGGATATGATGTGTTAAATTCAAAAATTAACAATGGGGTGTGTCGGTATTTCCAA	1740
Db	1681	TGCGAGGGGATATGATGTGTTAAATTCAAAAATTAACAATGGGGTGTGTCGGTATTTCCAA	1740
QY	1741	TGTGCACTGATACGCACTATATGGGCACTGATGAGTGTGAACGACACTGCGACACATTA	1800
Db	1741	TGTGCACTGATACGCACTATATGGGCACTGATGAGTGTGAACGACACTGCGACACATTA	1800
QY	1801	CGAATATGCGGATGTAAACACCATGGCTTAACAACCGCATAGGCAACGCGCTCAGCCTGAA	1860
Db	1801	CGAATATGCGGATGTAAACACCATGGCTTAACAACCGCATAGGCAACGCGCTCAGCCTGAA	1860
QY	1861	ATTGGCTATATTAACATATCCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATATGC	1920
Db	1861	ATTGGCTATATTAACATATCCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATATGC	1920
QY	1921	AGGCATTTGATATTTGAGGGATCAGATACCCCTATATGTTTACCTTTATATGACCCCTGTGAA	1980
Db	1921	AGGCATTTGATATTTGAGGGATCAGATACCCCTATATGTTTACCTTTATATGACCCCTGTGAA	1980
QY	1981	TTCCACTCTCTACCAACCGGAGAGTGGGATAGGTTGGCCGGTACCCCACTGTGTACG	2040
Db	1981	TTCCACTCTCTCTACCAACCGGAGAGTGGGATAGGTTGGCCGGTACCCCACTGTGTACG	2040
QY	2041	TGTTCTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTTACATGATGTGAAGAATCTAGCCACAG	2100
Db	2041	TGTTCTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTTACATGATGTGAAGAATCTAGCCACAG	2100
QY	2101	ATTGATACCAAAGCAAAAGCTGGAAAAATTAATCAGGCTCTTAATTCGCGACAGGGTGC	2160
Db	2101	ATTGATACCAAAGCAAAAGCTGGAAAAATTAATCAGGCTCTTAATTCGCGACAGGGTGC	2160
QY	2161	TTTGTCTCTAACGAGAGTTTACACCAAGACCGGTGTCTAATTCGTGTGGGTTGTGTGG	2220
Db	2161	TTTGTCTCTAACGAGAGTTTACACCAAGACCGGTGTCTAATTCGTGTGGGTTGTGTGG	2220
QY	2221	CAGCAAGTATCTTAATTTTAAAGCTACCTCTGTACTGTTCCTTTGTTTGGGCGCGCTTC	2280
Db	2221	CAGCAAGTATCTTAATTTTAAAGCTACCTCTGTACTGTTCCTTTGTTTGGGCGCGCTTC	2280
QY	2281	TGGTAACTTTGGCTCCTGTGTCCCAATCCAGTCGTATCTCAAGTGTGCTGGGATGT	2340
Db	2281	TGGTAACTTTGGCTCCTGTGTCCCAATCCAGTCGTATCTCAAGTGTGCTGGGATGT	2340
QY	2341	TTTGTCTAAAGCTCAAGTACGCTTTTGTGCTTTGATTTTCTTCATCTGTTCATATCTCG	2400
Db	2341	TTTGTCTAAAGCTCAAGTACGCTTTTGTGCTTTGATTTTCTTCATCTGTTCATATCTCG	2400
QY	2401	CTGCAAGGCTACGTTATGCTGCTTTTAAGGTTGTGTGCCAATGCTGCGGCTTGCCCT	2460
Db	2401	CTGCAAGGCTACGTTATGCTGCTTTTAAGGTTGTGTGCCAATGCTGCGGCTTGCCCT	2460
QY	2461	AACCTTTCTTTGTGACAGAGCTGCTGCCAACCAATATATGATCTGTGTGGTGGCACTGCT	2520
Db	2461	AACCTTTCTTTGTGACAGAGCTGCTGCCAACCAATATATGATCTGTGTGGTGGCACTGCT	2520
QY	2521	AATGGCAGGGGTAGTTTTGTGGGGCGGCGGATACGCTGGTACACGCGATAGCTCTGCTGT	2580
Db	2521	AATGGCAGGGGTAGTTTTGTGTGGGGCGGCGGATACGCTGGTACACGCGATAGCTCTGCTGT	2580
QY	2581	AGTCTCTTGGCCTCTGATAGCGCTTTTAACCTCTTGTGATTTGGTTACGCTGCTTACG	2640

```
Db 2581 AGGCTCTGGCCTCTGGAGGCGCTTTAAACCTCTTGCAATTTGGTACGCGCTGTACG 2640
Qy 2641 TTTTGATACCGAGATTAATTGGAGGGCTGACAAATACCACTGTAGTACATTAAGTGTAT 2700
Db 2641 TTTTGATACCGAGATTAATTGGAGGGCTGACAAATACCACTGTAGTACATTAAGTGTAT 2700
Qy 2701 GTCCTGTTTGGCTTCTTGTCTCACTTGTACCTGCTGCTGTAGTTAACTCTTAATCT 2760
Db 2701 GTCCTGTTTGGCTTCTTGTCTCACTTGTACCTGCTGCTGTAGTTAACTCTTAATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAACGTTGGGAGAAATGGTTTGGAAAGTTTACACTAGACCGGAGAGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTGGGAGAAATGGTTTGGAAAGTTTACACTAGACCGGAGAGTTTTCCT 2820
Qy 2821 TGTCTGTTTGTGTTTCCCGGCTGGGACATATGACGCGTGTGTGACTTTCGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTCTGTTTGTGTTTCCCGGCTGGGACATATGACGCGTGTGTGACTTTCGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCATCGAGTGACGATCGTTCTTTGGGACTGTAGGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCATCGAGTGACGATCGTTCTTTGGGACTGTAGGGT 2940
Qy 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGGCTGCGAAAGTGTCAATGCTGTGTAATCTCATATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGGCTGCGAAAGTGTCAATGCTGTGTAATCTCATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTAAAGTTTGGTGGAGATGTGTGTTTCTATAAGCACTTGCA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTAAAGTTTGGTGGAGATGTGTGTTTCTATAAGCACTTGCA 3060
Qy 3061 TGGTATGTCCTGCTATATGATATTTTGTGCTCGAAATCAACATGTGACAGCAATTTTCC 3120
Db 3061 TGGTATGTCCTGCTATATGATATTTTGTGCTCGAAATCAACATGTGACAGCAATTTTCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGGTCTATAGGAATGAAGAAAGCGCTTGGCGTGTGGGACAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGGTCTATAGGAATGAAGAAAGCGCTTGGCGTGTGGGACAC 3180
Qy 3181 GGTATGATGTTTGGCCGTTGTGGCGCTGCGGACCTGTTTTCGACGGGTTGGCAT 3240
Db 3181 GGTATGATGTTTGGCCGTTGTGGCGCTGCGGACCTGTTTTCGACGGGTTGGCAT 3240
Qy 3241 GCCCGCAGATGGTGGGCAATTAACCGCACTTTTACGCTGCACTGTCTCTCTGAACGTGG 3300
Db 3241 GCCCGCAGATGGTGGGCAATTAACCGCACTTTTACGCTGCACTGTCTCTCTCTGAACGTGG 3300
Qy 3301 CACGCTGTCAAGGATGGGATGTGTATGATGTGTATGACCCCGGAACTTGTGATGAAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTCAAGGATGGGATGTGTATGATGTGTATGACCCCGGAACTTGTGATGAAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAAGATTAAGATCTCTGGGCACTAGTACATAGGAAATTTTGTGTGCAACGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAAGATTAAGATCTCTGGGCACTAGTACATAGGAAATTTTGTGTGCAACGTGT 3420
Qy 3421 GTATATGCTCTACCATGAGCAAGAGGGCGCGGTTGGCTCATCCCAAGGCTTATACA 3480
Db 3421 GTATATGCTCTACCATGAGCAAGAGGGCGCGGTTGGCTCATCCCAAGGCTTATACA 3480
Qy 3481 CCCAATAACCGTTGACGCGGCTAATGACAGAGACATCTATCAACCATGTGTGAGGTGG 3540
Db 3481 CCCAATAACCGTTGACGCGGCTAATGACAGAGACATCTATCAACCATGTGTGAGGTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTAATCTGGTGTCTTGGCGGGAGAACCAAGGGGTATCTGTAAACAACAAGGGGCTC 3600
Db 3541 GTCCCTTAATCTGGTGTCTTGGCGGGAGAACCAAGGGGTATCTGTAAACAACAAGGGGCTC 3600
Qy 3601 ATTGGTTGAGGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGTGGGGGCGCTTCCAT 3660
Db 3601 ATTGGTTGAGGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGTGGGGGCGCTTCCAT 3660
Qy 3661 GGCCTTGGCCAAAGGTTCTTCAAGGTGCCCGCATCTGTGCTCTCTCGGGGCAATGTATATGG 3720
Db 3661 GGCCTTGGCCAAAGGTTCTTCAAGGTGCCCGCATCTGTGCTCTCTCGGGGCAATGTATATGG 3720
Db 3661 GGCCTTGGCCAAAGGTTCTTCAAGGTGCCCGCATCTGTGCTCTCTCGGGGCAATGTATATGG 3720
Qy 3721 GATGTTCAACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGGTTTCACTAGTACGATTAAGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGGTTTCACTAGTACGATTAAGGTTAGCCGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGTGATATCAATCCCGAGTACACAGCAATGCACTCTTGATACAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGATATCAATCCCGAGTACACAGCAATGCACTCTTGATACAAACCTTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAACGAGATTCAGTGCAAAATTTTAATTTAGCCCCCACTGGACGGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGAGATTCAGTGCAAAATTTTAATTTAGCCCCCACTGGACGGGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAATTAACAATTTCTTACATGACAGAGAGATAGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAATTAACAATTTCTTACATGACAGAGAGATAGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGTCAACAACGATCAATGCCAAAGTACATGACGCGACGTAAGCGGCTGAATCCAAATTG 4020
Db 3961 GGTCAACAACGATCAATGCCAAAGTACATGACGCGACGTAAGCGGCTGAATCCAAATTG 4020
Qy 4021 CTATTTTAATGGGCAAAATGTAACAACAAGGGGCTTCACTTACGTAACAACATATGAGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGGCAAAATGTAACAACAAGGGGCTTCACTTACGTAACAACATATGAGAT 4080
Qy 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGATATCAATTTGTGACGATGCGATGC 4140
Db 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGATATCAATTTGTGACGATGCGATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACAACGCTGTTGGGCAATGGAAAGTCTTAAACGAACTCATCCAAATA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACAACGCTGTTGGGCAATGGAAAGTCTTAAACGAACTCATCCAAATA 4200
Qy 4201 TGTTAAGCTAGTGTGTTTTCGCAACGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTTAACAACAATGC 4260
Db 4201 TGTTAAGCTAGTGTGTTTTCGCAACGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTTAACAACAATGC 4260
Qy 4261 CAACATATCTGAGATTCATTAATCCGATGAAAGGCACTATCCCTTTCATGAGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATATCTGAGATTCATTAATCCGATGAAAGGCACTATCCCTTTCATGAGAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAATCTGAAAGAAAGGAGACCTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACACTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAATCTGAAAGAAAGGAGACCTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACACTG 4380
Qy 4381 TGAATGACTGCTTACGAGTTAAGTCTGAAAGGGAATTAACAGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
Db 4381 TGAATGACTGCTTACGAGTTAAGTCTGAAAGGGAATTAACAGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTGTGCACTGATGCTGTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTGTGCACTGATGCTGTGTG 4500
Qy 4501 TACAGGATACAGTGTGATCTTGTATTCGATATGATGATGAGCTCATAGTGAAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGATACAGTGTGATCTTGTATTCGATATGATGATGAGCTCATAGTGAAGGAC 4560
Qy 4561 ATGCGATGTGACCTTGAACCTTACTTTCACATAGGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4620
Db 4561 ATGCGATGTGACCTTGAACCTTACTTTCACATAGGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCGAGGTAGGGGCGCACAGGCGGTGGGAGAGCTGGCATATCTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCGAGGTAGGGGCGCACAGGCGGTGGGAGAGCTGGCATATCTACTA 4680
Qy 4681 TGTAGAGGAGTGTATCCCTTGGGATAGTGTCTGAAATGCAATGTGTGAAGCCTT 4740
Db 4681 TGTAGAGGAGTGTATCCCTTGGGATAGTGTCTGAAATGCAATGTGTGAAGCCTT 4740
Qy 4741 CGAGCGACGCAAGGATGTATGTTGTGATCAACGAAGCTCAAACTATTTGTGACAC 4800
Db 4741 CGAGCGACGCAAGGATGTATGTTGTGATCAACGAAGCTCAAACTATTTGTGACAC 4800
Qy 4800 CGAGCGACGCAAGGATGTATGTTGTGATCAACGAAGCTCAAACTATTTGTGACAC 4800
Db 4800 CGAGCGACGCAAGGATGTATGTTGTGATCAACGAAGCTCAAACTATTTGTGACAC 4800
```

QY 4801 CTATGCAACCAACCTGGGTTACCTGCCATAGAGCAAAATTTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
DB 4801 CTATGGCAACCAACCTGGGTTACCTGCCATAGAGCAAAATTTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
QY 4861 CTTTTCATATGATCAACCCCGAAACCTTCATTTGTCAATACTGCAAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
DB 4861 CTTTTCATATGATCAACCCCGAAACCTTCATTTGTCAATACTGCAAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGATGCTGACGCCCAACTACACTGTGTCACTAGTATGAGTATGCTGCTCC 4980
DB 4921 TTATGTTTGTGATGCTGACGCCCAACTACACTGTGTCACTAGTATGAGTATGCTGCTCC 4980
QY 4981 CAATAGCAACCAACCGGTGGCAGAGAGCCCGGCTTGAGAAAAAACTTTGGGGGTTCTGG 5040
DB 4981 CAATAGCAACCAACCGGTGGCAGAGAGCCCGGCTTGAGAAAAAACTTTGGGGGTTCTGG 5040
QY 5041 GCGCTTGAACGGGCGCTGACGCGCTGTCTGGCCAGAGCCGAGAGGTGACAGATACCA 5100
DB 5041 GCGCTTGAACGGGCGCTGACGCGCTGTCTGGCCAGAGCCGAGAGGTGACAGATACCA 5100
QY 5101 AATGTGCTTCACTGAAATCAATATCTTGGGACAAGCCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
DB 5101 AATGTGCTTCACTGAAATCAATATCTTGGGACAAGCCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
QY 5161 GCGTATGGCTTATCTAGCCATTGACATTTTGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGTGCTGTC 5220
DB 5161 GCGTATGGCTTATCTAGCCATTGACATTTTGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGTGCTGTC 5220
QY 5221 TATTGATGAGTCCCTACCGGCTGCTACTGTGCGCCAGAGGTTGACGAAGAATAAGT 5280
DB 5221 TATTGATGAGTCCCTACCGGCTGCTACTGTGCGCCAGAGGTTGACGAAGAATAAGT 5280
QY 5281 GGAGAGTGTGATCAATTCATTCCTTGGAGGCCATGTTGTGCTGCAATGATGAAGTGA 5340
DB 5281 GGAGAGTGTGATCAATTCATTCCTTGGAGGCCATGTTGTGCTGCAATGATGAAGTGA 5340
QY 5341 GAGTACATACCAACAATGATGCTTTCACATTTGGAAACCGCCCTTGAAAACTTAAAC 5400
DB 5341 GAGTACATACCAACAATGATGCTTTCACATTTGGAAACCGCCCTTGAAAACTTAAAC 5400
QY 5401 CTTTCTGGGCGCTACGAGCTACATCTTGTCTATCATAGATATGCTGTGTTTAT 5460
DB 5401 CTTTCTGGGCGCTACGAGCTACATCTTGTCTATCATAGATATGCTGTGTTTAT 5460
QY 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATGCGTGTGCTTTCATTTGCGGATTAATAC 5520
DB 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATGCGTGTGCTTTCATTTGCGGATTAATAC 5520
QY 5521 CCGACTACTCTACAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGAAGCGCAATTGCTCCAA 5580
DB 5521 CCGACTACTCTACAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGAAGCGCAATTGCTCCAA 5580
QY 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTCAAGATGCGCGGAGCTGCGGAAACGCTCT 5640
DB 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTCAAGATGCGCGGAGCTGCGGAAACGCTCT 5640
QY 5641 TGGTACATGAGATCGGTGGTTTGTCTTGAATGCTAGAGCGGTATGCTGCGCGCTC 5700
DB 5641 TGGTACATGAGATCGGTGGTTTGTCTTGAATGCTAGAGCGGTATGCTGCGCGCTC 5700
QY 5701 ATTCACCTGCTTGTGATCAATTTAATGCTTGAATGAGTGGTGGCCCAATAGATACGT 5760
DB 5701 ATTCACCTGCTTGTGATCAATTTAATGCTTGAATGAGTGGTGGCCCAATAGATACGT 5760
QY 5761 TGTGCTTATGCTACTCGCGTTCAATCGGCGGAGAGTGTGGGCTGTGTCAC 5820
DB 5761 TGTGCTTATGCTACTCGCGTTCAATCGGCGGAGAGTGTGGGCTGTGTCAC 5820
QY 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTGAACAAGCAAGGCGCAATGCTGAGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
DB 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTGAACAAGCAAGGCGCAATGCTGAGCCCAACAGACTTCTTAC 5880

QY 5881 TATGCTGTAGAGCAACATGTATGTAATGATTAATGCACTTATGCACTCGTACATCCG 5940
DB 5881 TATGCTGTGTAGAGCAACATGTATGTAATGATTAATGCACTTATGCACTCGTACATCCG 5940
QY 5941 CAGGAAGATTAATGAGCAATCTGAGAGCACTTACCCCTGAGTGTCAATACGTTGAT 6000
DB 5941 CAGGAAGATTAATGAGCAATCTGAGAGCACTTACCCCTGAGTGTCAATACGTTGAT 6000
QY 6001 CCGTGGCTCCACACCCCGAGAGAGATTTGGCGCTCATTTGCTGGGGCTTGAAGT 6060
DB 6001 CCGTGGCTCCACACCCCGAGAGAGATTTGGCGCTCATTTGCTGGGGCTTGAAGT 6060
QY 6061 TTGCAATATGATGCAATTTCTTGTATGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
DB 6061 TTGCAATATGATGCAATTTCTTGTATGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCATGTTTAAATTTCTGTTGTCTTCTTCAACGCTGCCAGAAAGGTTACAAAGGCC 6180
DB 6121 GAGCATGTTTAAATTTCTGTTGTCTTCTTCAACGCTGCCAGAAAGGTTACAAAGGCC 6180
QY 6181 CTGATTTGATGATGATGCTTCAACGACGCTGTCCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
DB 6181 CTGATTTGATGATGATGCTTCAACGACGCTGTCCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
QY 6241 TGTGGAATGTTTGGAAAACTTACAAAGAACCCGAACCTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
DB 6241 TGTGGAATGTTTGGAAAACTTACAAAGAACCCGAACCTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
QY 6301 AGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGTGTGCTAGAACCGCAACCAATGAT 6360
DB 6301 AGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGTGTGCTAGAACCGCAACCAATGAT 6360
QY 6361 GACTAGTCTTGTCTGCAATTTATGCGCTTAAAGGACATCTGTAATATGAAAAATGGAGA 6420
DB 6361 GACTAGTCTTGTCTGCAATTTATGCGCTTAAAGGACATCTGTAATATGAAAAATGGAGA 6420
QY 6421 TCAATTTTGTATAGAGATACCTTCACAAATGCTGTTTACCCAGGTGCCCCCAAC 6480
DB 6421 TCAATTTTGTATAGAGATACCTTCACAAATGCTGTTTACCCAGGTGCCCCCAAC 6480
QY 6481 CTTGAGACTGAGTGGCGCTGAGCGGCTACAGGTTGATGTTATCTAGTGAAGCCAA 6540
DB 6481 CTTGAGACTGAGTGGCGCTGAGCGGCTACAGGTTGATGTTATCTAGTGAAGCCAA 6540
QY 6541 AACTCTTGGACGATCTGCTTGTCTGTTACGCTCTTGAAGGTTAAACTGTTAA 6600
DB 6541 AACTCTTGGACGATCTGCTTGTCTGTTACGCTCTTGAAGGTTAAACTGTTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCGCGTTGACGCTCACACCTGCTGTGCGCATGCACTTAAATTTGGGTA 6660
DB 6601 GCTTCCCTTCCGCGTTGACGCTCACACCTGCTGTGCGCATGCACTTAAATTTGGGTA 6660
QY 6661 TGCATTTGAGCAATGACTGTAATTCACAAACAACTCTTGAATGAAAGCGCAAT 6720
DB 6661 TGCATTTGAGCAATGACTGTAATTCACAAACAACTCTTGAATGAAAGCGCAAT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTTGTTCAAAACAGAGTGGCGGCTAACAACTTGAAGCAATTTTC 6780
DB 6721 GTCCGCTCTTGTTCAAAACAGAGTGGCGGCTAACAACTTGAAGCAATTTTC 6780
QY 6781 AGCTGCGGTGACACCAACATGCGAGCCCTCCANTGAAAGGTATGTTAAGAA 6840
DB 6781 AGCTGCGGTGACACCAACATGCGAGCCCTCCANTGAAAGGTATGTTAAGAA 6840
QY 6841 GCGCAGTTCCGGGAGAAAGTGTGCTTACCTTGCCTCCCGAGATCCGTTCC 6900
DB 6841 GCGCAGTTCCGGGAGAAAGTGTGCTTACCTTGCCTCCCGAGATCCGTTCC 6900
QY 6901 AGAGTGTATGATCTTGAAGCTTCGAAGAGTACCCGTTTGAAGAGTCTTCAACT 6960
DB 6901 AGAGTGTATGATCTTGAAGCTTCGAAGAGTACCCGTTTGAAGAGTCTTCAACT 6960
QY 6961 CCTTCTTACACACCTGTTCTACATTTGGCCATGCGCATGCCCTGTTGGAGCGGTTGA 7020

```
Db 6961 |||||CCCTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCCATGCCCTGTTGGAGGCGGTGA 7020
Qy 7021 |||||GTGTAACCCCTTTCCTGCAATTTGGAATGTCGAATGACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Db 7021 |||||GTGTAACCCCTTTCCTGCAATTTGGAATGTCGAATGACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Qy 7081 |||||TTTACCCAGTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTCGAATGTCAGACGAAAGTTGTCGAC 7140
Db 7081 |||||TTTACCCAGTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTCGAATGTCAGACGAAAGTTGTCGAC 7140
Qy 7141 |||||GGGTACAAACGCTTCCAGCTACGTTACTGCGCCCCCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Db 7141 |||||GGGTACAAACGCTTCCAGCTACGTTACTGCGCCCCCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 |||||TTCCACTCAGTCACGCCCCCGCAACGCGCTACAAAAGAGTTGGAAAGAGTGAAGT 7260
Db 7201 |||||TTCCACTCAGTCACGCCCCCGCAACGCGCTACAAAAGAGTTGGAAAGAGTGAAGT 7260
Qy 7261 |||||TTCCGTGAGCATGAGCTACACCTGAGCCGAGCTGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAGT 7320
Db 7261 |||||TTCCGTGAGCATGAGCTACACCTGAGCCGAGCTGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAGT 7320
Qy 7321 |||||TCTGCTGCAACTCGGCGCATCACTAGTGGTTCTTCAACAAAGATCATGTGTATGT 7380
Db 7321 |||||TCTGCTGCAACTCGGCGCATCACTAGTGGTTCTTCAACAAAGATCATGTGTATGT 7380
Qy 7381 |||||GACGTACCCCGGGGATCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTTAATTAAGACAACTCT 7440
Db 7381 |||||GACGTACCCCGGGGATCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTTAATTAAGACAACTCT 7440
Qy 7441 |||||GTTCCCCCATCATATACCAACAAGTAGATGGCTTAAGAAAAAGTTGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 |||||GTTCCCCCATCATATACCAACAAGTAGATGGCTTAAGAAAAAGTTGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 |||||CGGTGATGATGGAGCTATGATGAAGTAGAGCTCACACGCGCTTAAGTCTGCTAAGTC 7560
Db 7501 |||||CGGTGATGATGGAGCTATGATGAAGTAGAGCTCACACGCGCTTAAGTCTGCTAAGTC 7560
Qy 7561 |||||CCACATCATCTGCTTGGGGGCACTGATGTTCTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 |||||CCACATCATCTGCTTGGGGGCACTGATGTTCTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 |||||GGAATTCAGAAAGTGTGTGAGGAGGTGAGATACCAAGTCAATTAATGCGCAACTGTGAT 7680
Db 7621 |||||GGAATTCAGAAAGTGTGTGAGGAGGTGAGATACCAAGTCAATTAATGCGCAACTGTGAT 7680
Qy 7681 |||||AGTTCCAAAGAGGAGGTCTTCTGTAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 |||||AGTTCCAAAGAGGAGGTCTTCTGTAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 |||||GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGATGTTGTAAGAAATGTAATACGTCAAGT 7800
Db 7741 |||||GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGATGTTGTAAGAAATGTAATACGTCAAGT 7800
Qy 7801 |||||TGCTCTGAGCGTATTAAGCTGTCAATGAGATGCGTAAGGTTTGTATATCCAGTAC 7860
Db 7801 |||||TGCTCTGAGCGTATTAAGCTGTCAATGAGATGCGTAAGGTTTGTATATCCAGTAC 7860
Qy 7861 |||||CCGTGTCAGGCTGTGTTGATGATGTGTCACCCGATGCAAGTGGAGCCACATGCGATAC 7920
Db 7861 |||||CCGTGTCAGGCTGTGTTGATGATGTGTCACCCGATGCAAGTGGAGCCACATGCGATAC 7920
Qy 7921 |||||AGTGTGTTTGAAGCTACATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACACATCTACTC 7980
Db 7921 |||||AGTGTGTTTGAAGCTACATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACACATCTACTC 7980
Qy 7981 |||||AGCAGCTAAACTAGTAGCAACACGAGCTGCGATTCACACATTCGAGGCGAGTTATA 8040
Db 7981 |||||AGCAGCTAAACTAGTAGCAACACGAGCTGCGATTCACACATTCGAGGCGAGTTATA 8040
Qy 8041 |||||CGCTGAGAGCCGATGATCGTTATGATGCGCGAGATCGATATCGTAGTGTAGTC 8100
Db 8041 |||||CGCTGAGAGCCGATGATCGTTATGATGCGCGAGATCGATATCGTAGTGTAGTC 8100
Qy 8101 |||||TTCCGGGCTATATACCTCAAGTTTCCAAAGTTTGAACCTGCTGAGAGTTAAATGC 8160
Db 8101 |||||TTCCGGGCTATATACCTCAAGTTTCCAAAGTTTGAACCTGCTGAGAGTTAAATGC 8160
Qy 8161 |||||TGAGCCGAAACAGGCTGAGTGAAGAACCTGCTGCTTATTTGCGGCAATGATGTCAC 8220
Db 8161 |||||TGAGCCGAAACAGGCTGAGTGAAGAACCTGCTGCTTATTTGCGGCAATGATGTCAC 8220
Qy 8221 |||||CGTAAATTTGGAAGAGCGCCGAGAGCATGACAGACAAACAAAGATGCTGCTTGTGCTAG 8280
Db 8221 |||||CGTAAATTTGGAAGAGCGCCGAGAGCATGACAGACAAACAAAGATGCTGCTTGTGCTAG 8280
Qy 8281 |||||CTGAGTGAAGGTATGAGGTGACACCAAGATGTTGTCCTCAACCCCAATACAGTTTGA 8340
Db 8281 |||||CTGAGTGAAGGTATGAGGTGACACCAAGATGTTGTCCTCAACCCCAATACAGTTTGA 8340
Qy 8341 |||||AGAATTAACATCATGCTCATCAATGTTTACCTCTGAAATTAACAAAAGTGGCAAGCTTA 8400
Db 8341 |||||AGAATTAACATCATGCTCATCAATGTTTACCTCTGAAATTAACAAAAGTGGCAAGCTTA 8400
Qy 8401 |||||CTACTTTCTTACAAAGAGATCTGATATCCCTTGGAGAGTCTGCTGCGAGGCTGAGG 8460
Db 8401 |||||CTACTTTCTTACAAAGAGATCTGATATCCCTTGGAGAGTCTGCTGCGAGGCTGAGG 8460
Qy 8461 |||||ATACAAACCCAGTGTGCGTGAATGAGGATTTAATATCATCATCACTAACCATGTTGTGGGT 8520
Db 8461 |||||ATACAAACCCAGTGTGCGTGAATGAGGATTTAATATCATCATCACTAACCATGTTGTGGGT 8520
Qy 8521 |||||TAGCCGTGTGAGCTGTCTCATTTTCAAGAGAGATGCTTTTGAAGACAAACTTCCGA 8580
Db 8521 |||||TAGCCGTGTGAGCTGTCTCATTTTCAAGAGAGATGCTTTTGAAGACAAACTTCCGA 8580
Qy 8581 |||||GACGTGACCTTTGATCTGTATGAGAAAAATTAATACGTGCTGTATGAATCTGCCAG 8640
Db 8581 |||||GACGTGACCTTTGATCTGTATGAGAAAAATTAATACGTGCTGTATGAATCTGCCAG 8640
Qy 8641 |||||CATCATTTGCGTGTGACGATGATGAGGCTTCTCGGTGGTGGCTACACCAAGCTGA 8700
Db 8641 |||||CATCATTTGCGTGTGACGATGATGAGGCTTCTCGGTGGTGGCTACACCAAGCTGA 8700
Qy 8701 |||||GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCTCGGAGGCTGAGCG 8760
Db 8701 |||||GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCTCGGAGGCTGAGCG 8760
Qy 8761 |||||AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCAGCGCAAGAGGCTGAGGAGACACGCAAAATT 8820
Db 8761 |||||AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCAGCGCAAGAGGCTGAGGAGACACGCAAAATT 8820
Qy 8821 |||||GGCTGCTGCTTCTGCGGATGCTATGACCTCTACAGATTTGATGATGAGACGAG 8880
Db 8821 |||||GGCTGCTGCTTCTGCGGATGCTATGACCTCTACAGATTTGATGATGAGACGAG 8880
Qy 8881 |||||CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTAATGATGATGTTTACCTCCCGAGGAGGAGTGT 8940
Db 8881 |||||CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTAATGATGATGTTTACCTCCCGAGGAGGAGTGT 8940
Qy 8941 |||||TATTACACCAAGAAAGATTTGCAAGATTTCTTGTGAATTTTGGCTGCTCATTTGTTT 9000
Db 8941 |||||TATTACACCAAGAAAGATTTGCAAGATTTCTTGTGAATTTTGGCTGCTCATTTGTTT 9000
Qy 9001 |||||TGCCCTAGGGCTAATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
Db 9001 |||||TGCCCTAGGGCTAATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
Qy 9061 |||||CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGACAGGCAACAGGGGAGACCCGGGC 9120
Db 9061 |||||CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGACAGGCAACAGGGGAGACCCGGGC 9120
Qy 9121 |||||TTAACGACCCCGC 9133
Db 9121 |||||TTAACGACCCCGC 9133
```

RESULT 7
AR075140 9143 bp DNA linear PAT 28-AUG-2000
LOCUS AR075140 Sequence 32 from patent US 5955318.
DEFINITION AR075140
ACCESSION AR075140
VERSION AR075140.1 GI:10001892
KEYWORDS
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
REFERENCE 1 (bases 1 to 9143)
AUTHORS Simons,J.N., Desai,S.M. and Mushahwar,I.K.
TITLES Reagents and methods useful for controlling the translation of
hepatitis GBV proteins
JOURNAL Patent: US 5955318-A 32 21-SEP-1999;
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..9143
/organism="unknown"
/mol_type="unassigned DNA"

ORIGIN
Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

QY 1 ACCACAAACATCTCAGTTGTTTACACTCCGCTAGAGATGCTCTGAGACCCCTCTAG 60
DB 1 ACCACAAACATCTCAGTTGTTTACACTCCGCTAGAGATGCTCTGAGACCCCTCTAG 60
QY 61 CAGGGGTGGGGGATTTCCCTCCCTGCTGCAAGAGGTGAGCCCAACCTTAAGTAT 120
DB 61 CAGGGGTGGGGGATTTCCCTCCCTGCTGCAAGAGGTGAGCCCAACCTTAAGTAT 120
QY 121 GTAGGCGGCGGACTCATGACGCTCGGTGATGACAAAGCCAGCTTGATGAGC 180
DB 121 GTAGGCGGCGGACTCATGACGCTCGGTGATGACAAAGCCAGCTTGATGAGC 180
QY 121 GTAGGCGGCGGACTCATGACGCTCGGTGATGACAAAGCCAGCTTGATGAGC 180
DB 121 GTAGGCGGCGGACTCATGACGCTCGGTGATGACAAAGCCAGCTTGATGAGC 180
QY 181 CCTGATGGGCGTTGATGAGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGG 240
DB 181 CCTGATGGGCGTTGATGAGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGGTGTGG 240
QY 241 CCTCCAGTATAGAGCGGCGGCACTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAG 300
DB 241 CCTCCAGTATAGAGCGGCGGCACTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCACTATATGTGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCACTATATGTGT 360
QY 361 TGGGATGTTGGGGTTAGGCATTCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAGAT 420
DB 361 TGGGATGTTGGGGTTAGGCATTCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAGAT 420
QY 421 CTGGGAGTCTCTGAGCCGTAGCAATGCTGTATTCTACTCAAAACAAGTCTGTATAC 480
DB 421 CTGGGAGTCTCTGAGCCGTAGCAATGCTGTATTCTACTCAAAACAAGTCTGTATAC 480
QY 481 TGGGCGCAGAAAGCGGCAAGAAACAAGAGGCTTCATATCTGTCTCCATTAAAC 540
DB 481 TGGGCGCAGAAAGCGGCAAGAAACAAGAGGCTTCATATCTGTCTCCATTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTGAAAGGGAACAAGCAAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTCTGTA 600
DB 541 ATCTGTTGAAAGGGAACAAGCAAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTCTGTA 600
QY 601 TTACAAATTTGCTGTATCATGATGCTTGGAGATATGGCTCAGGCTGCTTGGCAGC 660
DB 601 TTACAAATTTGCTGTATCATGATGCTTGGAGATATGGCTCAGGCTGCTTGGCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGCGCAGAACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTCTGGA 720
DB 661 TCATGTTGGGAGCGCAGAACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTCTGGA 720

DB 661 TCATGTTGGGAGCGCAGAACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTCTGGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGGGTGATTTGGTATGTTTAACTACACACTCTTAATAGGCCCTGTGT 780
DB 721 TTACCTTTGGGGGTGATTTGGTATGTTTAACTACACACTCTTAATAGGCCCTGTGT 780
QY 781 GGCAGAGCGGTCGTTGACCAAGTGTGCAATAGTACGCTTGTGAGATGAGTCA 840
DB 781 GGCAGAGCGGTCGTTGACCAAGTGTGCAATAGTACGCTTGTGAGATGAGTCA 840
QY 841 CTGGGCTACGTGTTGGTTCGCTGTCACCTTTTGTGTATGTCTATCTTTGGCCTG 900
DB 841 CTGGGCTACGTGTTGGTTCGCTGTCACCTTTTGTGTATGTCTATCTTTGGCCTG 900
QY 901 TCCCTGTAGTGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACCAAAATATCAATCTTGAACCAATTG 960
DB 901 TCCCTGTAGTGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACCAAAATATCAATCTTGAACCAATTG 960
QY 961 CTGGCAGGTAATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGCCTACAGAGCTGTG 1020
DB 961 CTGGCAGGTAATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGCCTACAGAGCTGTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTGGGAGCAGAGTGTGGGTTCCGCAATCCGTAATCTCAACCTTTCAA 1080
DB 1021 TGTGATCTGTGGGAGCAGAGTGTGGGTTCCGCAATCCGTAATCTCAACCTTTCAA 1080
QY 1081 TTGACCTGGCACAGACTCTTCTTGGCTGACCACTTGATTTTGTATGGGGCTCTGT 1140
DB 1081 TTGACCTGGCACAGACTCTTCTTGGCTGACCACTTGATTTTGTATGGGGCTCTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGACGCGCTTGAATTGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
DB 1141 GACCTGTGACGCGCTTGAATTGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
QY 1201 GCTTGTCAAGCACTGGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGTGTACTTGTACCTGGA 1260
DB 1201 GCTTGTCAAGCACTGGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGTGTACTTGTACCTGGA 1260
QY 1261 AGTGGCCACTGGAATATGATCTCGGGTTCCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
DB 1261 AGTGGCCACTGGAATATGATCTCGGGTTCCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
QY 1261 AGTGGCCACTGGAATATGATCTCGGGTTCCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
DB 1261 AGTGGCCACTGGAATATGATCTCGGGTTCCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTCAATCTTCTTGAACCAACTGCTTCAAGATGACCTATTTGCGACTAT 1380
DB 1321 CGAGGCTGTCAATCTTCTTGAACCAACTGCTTCAAGATGACCTATTTGCGACTAT 1380
QY 1381 GTTTAGCAGTGTACCTACCTGGCGGTTGGCGCTGTGATCTATGCTCTCGGGGCAA 1440
DB 1381 GTTTAGCAGTGTACCTACCTGGCGGTTGGCGCTGTGATCTATGCTCTCGGGGCAA 1440
QY 1441 GTGGTATCAGTTGCTCTTACGCTTATATGCTTTTACATAGAAAGGACTCTGGAACCTCTAT 1500
DB 1441 GTGGTATCAGTTGCTCTTACGCTTATATGCTTTTACATAGAAAGGACTCTGGAACCTCTAT 1500
QY 1501 CAGGGTGCACATGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTGCTGCTTGTATGATATGCAATGTCC 1560
DB 1501 CAGGGTGCACATGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTGCTGCTTGTATGATATGCAATGTCC 1560
QY 1561 TTGCCACTTATTTGAGTGAAGATGTGCAGAAATCTTTGTACGTCCAAAGTGAAC 1620
DB 1561 TTGCCACTTATTTGAGTGAAGATGTGCAGAAATCTTTGTACGTCCAAAGTGAAC 1620
QY 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTATTAACAATCTCCATATCTTGTATCCCTATATCAATCCCTG 1680
DB 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTATTAACAATCTCCATATCTTGTATCCCTATATCAATCCCTG 1680
QY 1681 TGGCAGGGAGTATGTTAAATTTCAAAAATAACATAGGGGTGCTGCGCTATTCGCAA 1740
DB 1681 TGGCAGGGAGTATGTTAAATTTCAAAAATAACATAGGGGTGCTGCGCTATTCGCAA 1740
QY 1741 TGTGCATCTGATCTGACATATGAGGCACTGATGAGTGTGGAACGACACTCGCAACCTTA 1800
DB 1741 TGTGCATCTGATCTGACATATGAGGCACTGATGAGTGTGGAACGACACTCGCAACCTTA 1800

```
QY 1801 CGAAGTATGCGGTGTACACCATGCTTAACAACCGCATGCGACAACGGCTCAGCCCTGAA 1860
DB 1801 CGAAGCATGCGGTGTACACCATGCTTAACAACCGCATGCGACAACGGCTCAGCCCTGAA 1860
QY 1861 ATTGGCTATATTAACAATACCTGGGTCTTAAGAAATGTTAAACCTCTAATTTGGATGTC 1920
DB 1861 ATTGGCTATATTAACAATACCTGGGTCTTAAGAAATGTTAAACCTCTAATTTGGATGTC 1920
QY 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTA 1980
DB 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTA 1980
QY 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTA 1980
DB 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTA 1980
QY 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGAGAGGTGGGCTAGGTTGCGCGGTACCCCACTGTGTACG 2040
DB 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGAGAGGTGGGCTAGGTTGCGCGGTACCCCACTGTGTACG 2040
QY 2041 TGGTCTTGTGTACAGGTTCCGCAAGGTTTACAGATGTGAAGAACCTAGCCACAGG 2100
DB 2041 TGGTCTTGTGTACAGGTTCCGCAAGGTTTACAGATGTGAAGAACCTAGCCACAGG 2100
QY 2101 ATTGATCAACCAAGACCAAGGCTGAAAAATTTACAGGCTTATATTCCGCAAGGTC 2160
DB 2101 ATTGATCAACCAAGACCAAGGCTGAAAAATTTACAGGCTTATATTCCGCAAGGTC 2160
QY 2161 TTTGCTCTTACCGGAGTTTACCAACCAAGGCTGTGTCTAATTTCTGTGTGGGTGTGTG 2220
DB 2161 TTTGCTCTTACCGGAGTTTACCAACCAAGGCTGTGTCTAATTTCTGTGTGGGTGTGTG 2220
QY 2221 CAGCAAGTATTTATTTAGCTTACCTGTGTACTTGTCTTCTTTTGGGCGCGCTTC 2280
DB 2221 CAGCAAGTATTTATTTAGCTTACCTGTGTACTTGTCTTCTTTTGGGCGCGCTTC 2280
QY 2281 TGGTACCTCTTGGGCTCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCCAGTGGCTGGAGT 2340
DB 2281 TGGTACCTCTTGGGCTCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCCAGTGGCTGGAGT 2340
QY 2341 TTTGCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTGTGATTTTCTTCACTGTGTCTATCTCG 2400
DB 2341 TTTGCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTGTGATTTTCTTCACTGTGTCTATCTCG 2400
QY 2401 CTGAGAGCTAGTATGCTGCTCTTTTAAGGTTTGTGCTCCATGCTGCGGCTTGCCT 2460
DB 2401 CTGAGAGCTAGTATGCTGCTCTTTTAAGGTTTGTGCTCCATGCTGCGGCTTGCCT 2460
QY 2461 AACTTTCTTGTGTGAGAGCTGTGCTCCCAACGAGTTATGACGTGTGGGAGCACTGCT 2520
DB 2461 AACTTTCTTGTGTGAGAGCTGTGCTCCCAACGAGTTATGACGTGTGGGAGCACTGCT 2520
QY 2521 AGTGGCAGGGTTAGTATTTGTGTGGGCGGCGGTAAACCGTGTCAACCGCATAGCTGTGT 2580
DB 2521 AGTGGCAGGGTTAGTATTTGTGTGGGCGGCGGTAAACCGTGTCAACCGCATAGCTGTGT 2580
QY 2581 AGGTCTTGTGCTCTGTGTAGGCTTTTAACCTCTTCAATTTGGCTAGCGCTGTAGC 2640
DB 2581 AGGTCTTGTGCTCTGTGTAGGCTTTTAACCTCTTCAATTTGGCTAGCGCTGTAGC 2640
QY 2641 TTTTGATACGAGATTAATGGAGGGGTGACAATACCACTGTAGTACATTTAGTGTGAT 2700
DB 2641 TTTTGATACGAGATTAATGGAGGGGTGACAATACCACTGTAGTACATTTAGTGTGAT 2700
QY 2701 GTCTCTTGTGCTCTTGTGTCTCACTTGTACCTGTGCTGTGTGTATTTAGTCTATCT 2760
DB 2701 GTCTCTTGTGCTCTTGTGTCTCACTTGTACCTGTGCTGTGTGTATTTAGTCTATCT 2760
QY 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGTGTTTGAACGTTACACTAAGACCGGAGGTTTCTCT 2820
DB 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGTGTTTGAACGTTACACTAAGACCGGAGGTTTCTCT 2820
QY 2821 TGTGCTGATTTGTTTCCCGGTGCGACATATGACGCGCTGTGCTTTCTGTGTGTCA 2880
DB 2821 TGTGCTGATTTGTTTCCCGGTGCGACATATGACGCGCTGTGCTTTCTGTGTGTCA 2880
QY 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCATCAGTGCAGTCTGTTCTTTGGGACTGACCTAGGCT 2940
DB 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCATCAGTGCAGTCTGTTCTTTGGGACTGACCTAGGCT 2940
QY 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGTGCTCTCGGAAATGTTCATCTTGTATTTGT 3000
DB 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGTGCTCTCGGAAATGTTCATCTTGTATTTGT 3000
QY 3001 TCTTAAGTTTCTCTTAAAGTTTGTGTGGAATGTGTGTGTTTCTTAAGACTTGTCA 3060
DB 3001 TCTTAAGTTTCTCTTAAAGTTTGTGTGGAATGTGTGTGTTTCTTAAGACTTGTCA 3060
QY 3061 TGGATGTCTTGTGCTTATGATTTTGTGCTGAAATCTAATTCAGAGGCACTTTTCC 3120
DB 3061 TGGATGTCTTGTGCTTATGATTTTGTGCTGAAATCTAATTCAGAGGCACTTTTCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGGCTTATAGAAATGAAGAAAGCTTGGCTGTGGGAGAC 3180
DB 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGGCTTATAGAAATGAAGAAAGCTTGGCTGTGGGAGAC 3180
QY 3181 GGTGATGTGTTGCGGCTGTGTGCGCTCTCGGCACTTGTGTTTGGCAGGGTTGCTAT 3240
DB 3181 GGTGATGTGTTGCGGCTGTGTGCGCTCTCGGCACTTGTGTTTGGCAGGGTTGCTAT 3240
QY 3241 GCGGCAGATGGGTGGGCACTTACCGCACTTTTACGCTGTGAGTCTCTGTAAACGTG 3300
DB 3241 GCGGCAGATGGGTGGGCACTTACCGCACTTTTACGCTGTGAGTCTCTGTAAACGTG 3300
QY 3301 CAGCTGTGAGCGATGAGCAATGTGTCTGTATGACCTTGTGAACTTGGACTGAAAC 3360
DB 3301 CAGCTGTGAGCGATGAGCAATGTGTCTGTATGACCTTGTGAACTTGGACTGAAAC 3360
QY 3361 TATCTTCAATTTAGATCTCTGCGCACTTACATGATGAGATTTTGTGTGCAACGTGTT 3420
DB 3361 TATCTTCAATTTAGATCTCTGCGCACTTACATGATGAGATTTTGTGTGCAACGTGTT 3420
QY 3421 GTATACTGCTCACCATGAGCAAGAGGCGCGGTTGCTATCCACAGGCTTATACA 3480
DB 3421 GTATACTGCTCACCATGAGCAAGAGGCGCGGTTGCTATCCACAGGCTTATACA 3480
QY 3481 CCCAATACCGTGTGAGCGGCTTAATGACAGAGCATCTATACACCATGTGTGAGCTG 3540
DB 3481 CCCAATACCGTGTGAGCGGCTTAATGACAGAGCATCTATACACCATGTGTGAGCTG 3540
QY 3541 GTCCCTTACCTCGGCTCTTGTGCGGAGGAGCAAGAGGATCTGTGTAACAGCACTGGGTC 3600
DB 3541 GTCCCTTACCTCGGCTCTTGTGCGGAGGAGCAAGAGGATCTGTGTAACAGCACTGGGTC 3600
QY 3601 ATTGTTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGGCGCTTCCAT 3660
DB 3601 ATTGTTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGGCGCTTCCAT 3660
QY 3661 GGTGTGTGCAAGGTTCTTCAAGTGTGCGGATTTCTGTCTCTCGGCGCATGTTATTGG 3720
DB 3661 GGTGTGTGCAAGGTTCTTCAAGTGTGCGGATTTCTGTCTCTCGGCGCATGTTATTGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGCTGCTAAGAAATCTGTGCGGTTAGTCACTAGTCAATGAGGTTAGCCGTT 3780
DB 3721 GATGTTCAACCGCTGCTAAGAAATCTGTGCGGTTAGTCACTAGTCAATGAGGTTAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTGCTGATATCATCCAGTACACAGACATGCACTTTGATACAAACCTTAC 3840
DB 3781 GGTGTGTGCTGATATCATCCAGTACACAGACATGCACTTTGATACAAACCTTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTACGAGTATTCAGTCAAAATTTATTTGCCCACTGTGCGGCAAGTCAAC 3900
DB 3841 TGTGCTTACGAGTATTCAGTCAAAATTTATTTGCCCACTGTGCGGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTTACACTTTCTTATACAGAGGAGTATGAGGTTGTGCTTAAATCCCACTGT 3960
DB 3901 CAAATTTACACTTTCTTATACAGAGGAGTATGAGGTTGTGCTTAAATCCCACTGT 3960
QY 3961 GGCTACACAGCATCAATGCAAGTACATGCAACGCGGCTGTGATCCAAATTTG 4020
```


Db 3961 GGGTAAACAGCATCAATGCCAAAGTACATGCACGGAGCTACGGGCTGAATCCAAATTG 4020
Qy 4021 CTATTTTAAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACACACATATGGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACACACATATGGCAT 4080
Qy 4081 GTAACCTGACCGGAGCATGTTCCTCCGGAACTATGATGTAACTATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTAACCTGACCGGAGCATGTTCCTCCGGAACTATGATGTAACTATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCACTTGGAAAAGTCTTAACGGAAGTCCATCCAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCACTTGGAAAAGTCTTAACGGAAGTCCATCCAAAA 4200
Qy 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCAACGGCTACCCCTCGAGATATCCCTACACCATATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCAACGGCTACCCCTCGAGATATCCCTACACCATATGC 4260
Qy 4261 CAACATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4320
Db 4261 CAACATTAATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4320
Qy 4321 TAAGAGAGAAAATCTGAAGAAAAGGAGACACCTTATCTTGAAGGCTAACCAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAGAGAGAAAATCTGAAGAAAAGGAGACACCTTATCTTGAAGGCTAACCAAAAAACCTG 4380
Qy 4381 TGATGAGCTTGTCTAACGAGTATGAGTGAAGGAAATACAGCTGTCTTACTATATAGGGG 4440
Db 4381 TGATGAGCTTGTCTAACGAGTATGAGTGAAGGAAATACAGCTGTCTTACTATATAGGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTATGATGTTGCCATGATGCCCTTGG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTATGATGTTGCCATGATGCCCTTGG 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACCTGTGACCTTTGATTCCTGATATGACTGACGCTCATGGTATGAAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACCTGTGACCTTTGATTCCTGATATGACTGACGCTCATGGTATGAAGGAC 4560
Qy 4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCTTTCACCATGAGGTGTTGCTGTGCGGGGTTTCACG 4620
Db 4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCTTTCACCATGAGGTGTTGCTGTGCGGGGTTTCACG 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCAAGGCTATGAGGGGCGGCAAGGCGCTGGAGAGCTGGCATATACACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCAAGGCTATGAGGGGCGGCAAGGCGCTGGAGAGCTGGCATATACACTA 4680
Qy 4681 TGTAGACGGGAGTGTATACCCCTTCCGGTATGTTCTGTGATGCAACATTTGTGAGGCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGGAGTGTATACCCCTTCCGGTATGTTCTGTGATGCAACATTTGTGAGGCTT 4740
Qy 4741 CGACGAGCCAAAGGCAATGATGTATGTTCATCAACAGAAAGCTCAAACTATTCCTGACAC 4800
Db 4741 CGACGAGCCAAAGGCAATGATGTATGTTCATCAACAGAAAGCTCAAACTATTCCTGACAC 4800
Qy 4801 CTATGCCACCAACCTGTGGTATCTGCGATAGAGCAAAATTTGAGAGATGGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCCACCAACCTGTGGTATCTGCGATAGAGCAAAATTTGAGAGATGGGCTGATCT 4860
Qy 4861 CTTTTCATAGTCAACCCCGAACTTCAATTTGTCAATATGCAAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTTCATAGTCAACCCCGAACTTCAATTTGTCAATATGCAAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTAATGTTTGTGATGCTGACAGCCCAATACACTGTGTCACTCAATATGCTATGCTGCTCC 4980
Db 4921 TTAATGTTTGTGATGCTGACAGCCCAATACACTGTGTCACTCAATATGCTATGCTGCTCC 4980
Qy 4981 CAATGACGACCAACCGTGTGAGGAGACCCGCTTGGGAAAAAACTTTGTGGGGTTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGACGACCAACCGTGTGAGGAGACCCGCTTGGGAAAAAACTTTGTGGGGTTCTGTG 5040
Qy 5041 GGGCTTGAACGGGCTGACGCTGTCTGTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5100
Db 5041 GGGCTTGAACGGGCTGACGCTGTCTGTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5100

Db 5041 GGGCTTGAACGGGCTGACGCTGTCTGTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5100
Qy 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGGACACCCGCACTCGCTGTGGGCTTGAAT 5160
Db 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGGACACCCGCACTCGCTGTGGGCTTGAAT 5160
Qy 5161 GGGTATGCTTATCTGAGCAATTAACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCGTGTGCTGTC 5220
Db 5161 GGGTATGCTTATCTGAGCAATTAACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCGTGTGCTGTC 5220
Qy 5221 TATTCATCAATGCTTCAACCGGCTGATCTGTGCGCCCAAGTGTGACGAAGAAATCGT 5280
Db 5221 TATTCATCAATGCTTCAACCGGCTGATCTGTGCGCCCAAGTGTGACGAAGAAATCGT 5280
Qy 5281 GGAGAGTGTGATATTCATTTCTTGTGAGGCGCATGTGTGCTGCAATGATTAAGTGA 5340
Db 5281 GGAGAGTGTGATATTCATTTCTTGTGAGGCGCATGTGTGCTGCAATGATTAAGTGA 5340
Qy 5341 GAGTCAATCAACCAACTAGTCTTTGACATTTGAAAACCGGCTTGA AAAAATTAAACAC 5400
Db 5341 GAGTCAATCAACCAACTAGTCTTTGACATTTGAAAACCGGCTTGA AAAAATTAAACAC 5400
Qy 5401 CTTTCTGGGCTCAATGCACTACATCTTGTCTATCATATGATATGCTGTGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTGGGCTCAATGCACTACATCTTGTCTATCATATGATATGCTGTGTTAGT 5460
Qy 5461 CACTTATCTGACATATCCCTTGTGATCATGCTGTGTTGCTTTCATTTGGGGTATTAATAC 5520
Db 5461 CACTTATCTGACATATCCCTTGTGATCATGCTGTGTTGCTTTCATTTGGGGTATTAATAC 5520
Qy 5521 CCCACTACCTCAAGATCAAAAATGTTCTGTGATTAATTTGAGGCGCAATTGCGTCAA 5580
Db 5521 CCCACTACCTCAAGATCAAAAATGTTCTGTGATTAATTTGAGGCGCAATTGCGTCAA 5580
Qy 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCATGCGCTTCAATGATGAGGCGGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCATGCGCTTCAATGATGAGGCGGCTGCGGAAACAGCTCT 5640
Qy 5641 TGTGATCATGACATGAGTGTGTTGCTTGTGACATGCTGAGGCGGCTATGCTGCGCTTC 5700
Db 5641 TGTGATCATGACATGAGTGTGTTGCTTGTGACATGCTGAGGCGGCTATGCTGCGCTTC 5700
Qy 5701 ATCCATGCTGCTTGAACATTTAAATGCTTGAATGAGTGTGAGGCGCACTATGATCAAGCT 5760
Db 5701 ATCCATGCTGCTTGAACATTTAAATGCTTGAATGAGTGTGAGGCGCACTATGATCAAGCT 5760
Qy 5761 TGTGATTTAGTCTATCTCGCGCTTCAATCCGCGCGGAGGAGTGTGTGCTGTGACG 5820
Db 5761 TGTGATTTAGTCTATCTCGCGCTTCAATCCGCGCGGAGGAGTGTGTGCTGTGACG 5820
Qy 5821 TTTGTCAATGTTGCTTGTGACCAACGACGAGGCGCAATCATGTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Db 5821 TTTGTCAATGTTGCTTGTGACCAACGACGAGGCGCAATCATGTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTGTGAGGAGCAACCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5940
Db 5881 TATGCTGTGAGGAGCAACCTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5940
Qy 5941 CAGAAAGATCTAGGCAATCTGAGGCACTTACCCCTGTGAGTGTATATGAGCTTGCAT 6000
Db 5941 CAGAAAGATCTAGGCAATCTGAGGCACTTACCCCTGTGAGTGTATATGAGCTTGCAT 6000
Qy 6001 CCGTGTGCTTCAACCCCGGAGGAGATTTGCGGCTCATTTGCTTGGGGCTGTAGAGAT 6060
Db 6001 CCGTGTGCTTCAACCCCGGAGGAGATTTGCGGCTCATTTGCTTGGGGCTGTAGAGAT 6060
Qy 6061 TTTGGAGATGATGAGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTGA 6120
Db 6061 TTTGGAGATGATGAGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTGA 6120
Qy 6121 GAGCATGTTAAATCTCTGCTGTCTTCTTCAACGCTGCGAAGAGGAGTAAAGAGGCGCC 6180
Db 6121 GAGCATGTTAAATCTCTGCTGTCTTCTTCTTCAACGCTGCGAAGAGGAGTAAAGAGGCGCC 6180


```
Qy 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCAAGACGCTGTCCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCAAGACGCTGTCCATGCGGTGCTGAATCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGAAATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAACCCGAACTTGTTCAAATTACTGAG 6300
Db 6241 TGTGAGAAATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAACCCGAACTTGTTCAAATTACTGAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGACCGGACCCCACTGATG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGACCGGACCCCACTGATG 6360
Qy 6361 GACTAGCTTGTCTGCTAATTAATGAGGACTGTAATTAATGAGAAATGAGGAGA 6420
Db 6361 GACTAGCTTGTCTGCTAATTAATGAGGACTGTAATTAATGAGAAATGAGGAGA 6420
Qy 6421 TCACATTTTGTTCACAGAGATATCTCTCAAAATGTCTGTTTCAACCCAGTGCCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTTCACAGAGATATCTCTCAAAATGTCTGTTTCAACCCAGTGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTTGAGAGCTGACAGTGGCCGTGAGACGGGTAAGGTTACGTTATCTAGGTGAGCCCA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGACAGTGGCCGTGAGACGGGTAAGGTTACGTTATCTAGGTGAGCCCA 6540
Qy 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGCTGTTACGCTCTGACCGTAAGGTTAAACCTGTTAA 6600
Db 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGCTGTTACGCTCTGACCGTAAGGTTAAACCTGTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCTTCCGCGCTTGAAGGTTCAACACCTGTGTGTGGCATGCACTTAAATTTGCGTA 6660
Db 6601 GCTTCCTTCCGCGCTTGAAGGTTCAACACCTGTGTGTGGCATGCACTTAAATTTGCGTA 6660
Qy 6661 TGCACTTGAGCAATGACTGTATTTCCAAACAACATCCTGTGTATGAGAGCCGAGT 6720
Db 6661 TGCACTTGAGCAATGACTGTATTTCCAAACAACATCCTGTGTATGAGAGCCGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTTGTGTTCAAAACAGAGTTGCGGCTGTACAAACCAATTTGCTGAGCAATTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTGTTCAAAACAGAGTTGCGGCTGTACAAACCAATTTGCTGAGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGGGTTGACACACCAACCTGCCAGCCCTCCATCGAGAGGTAAGTGTAGAAA 6840
Db 6781 AGCTGGGTTGACACACCAACCTGCCAGCCCTCCATCGAGAGGTAAGTGTAGAAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTTCGGGCAAGAACTGGTGTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
Db 6841 GCGCAGTTCGGGCAAGAACTGGTGTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
Qy 6901 AGGAGTGTCAATGCTCTGAAAAGCTGTCAACAGAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAACT 6960
Db 6901 AGGAGTGTCAATGCTCTGAAAAGCTGTCAACAGAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAACT 6960
Qy 6961 CCTCTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCCATGCCATGCCCTGTTGGAGCGGTA 7020
Db 6961 CCTCTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCCATGCCATGCCCTGTTGGAGCGGTA 7020
Qy 7021 GTGTAACCTTTCACCTGCAATTTGATGTAATGTAACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAACCTTTCACCTGCAATTTGATGTAATGTAACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTACCAAGTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTGTGAATGTCAGACGAAAGTTGTTGAGC 7140
Db 7081 TTTACCAAGTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTGTGAATGTCAGACGAAAGTTGTTGAGC 7140
Qy 7141 GGGTACAAACGCTTTCAGCTACGTTACTGCGCCCGCTACCTTAAGTACGGGAAAGGA 7200
Db 7141 GGGTACAAACGCTTTCAGCTACGTTACTGCGCCCGCTACCTTAAGTACGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTTCACTCAGTCAAGCCCCCGCAAAACGAGCTTACAAAAAGAAAGTTGGAAAAGTGAAT 7260
Db 7201 TTTCACTCAGTCAAGCCCCCGCAAAACGAGCTTACAAAAAGAAAGTTGGAAAAGTGAAT 7260
Qy 7261 TTCTGTCAGATGAGTACACCTGACCGACGATGATTAAGCTTCAAAAACCTGCTTAAGT 7320
Db 7261 TTCTGTCAGATGAGTACACCTGACCGACGATGATTAAGCTTCAAAAACCTGCTTAAGT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCACTTGGGCTCATCTAGTGTTCCTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCACTTGGGCTCATCTAGTGTTCCTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCCGCGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTTAATAGACACCTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCCGCGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTTAATAGACACCTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATACCAACAAGTGAATTTGCTTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATCATACCAACAAGTGAATTTGCTTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTATGTGGGACTATGATGAATGACAGCTCAACCGCCCTTAAGTCTGTAAGTC 7560
Db 7501 CGGTGTATGTGGGACTATGATGAATGACAGCTCAACCGCCCTTAAGTCTGTAAGTC 7560
Qy 7561 CCAATCACTGGCCTTGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCAATCACTGGCCTTGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GAACTTGCAAGATGTGTGAGAGGCAAGTGAATCCAGTCAATTCGGCAACTGTGAT 7680
Db 7621 GAACTTGCAAGATGTGTGAGAGGCAAGTGAATCCAGTCAATTCGGCAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTTCTTGTGAAGACCCCCCAAGAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTTCTTGTGAAGACCCCCCAAGAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGATGTTGAGAAAGTGAATGATGATGATGATGAT 7800
Db 7741 GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGATGTTGAGAAAGTGAATGATGATGATGATGAT 7800
Qy 7801 TGCTCTGACGTAGTTAAACCTGTCAATGAGAGATGCTGACGGGTTGTAGATCCAGTAC 7860
Db 7801 TGCTCTGACGTAGTTAAACCTGTCAATGAGAGATGCTGACGGGTTGTAGATCCAGTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGCGTGTGTGTGATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGCGTGTGTGTGATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7980
Qy 7981 AGCAGCTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8040
Db 7981 AGCAGCTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100
Qy 8101 TTCGGGCTTATTAATCACTCAAGTTCCAAAGTTTCAACCTGCTGCTGAAAGTAAATGC 8160
Db 8101 TTCGGGCTTATTAATCACTCAAGTTTCCAAAGTTTCAACCTGCTGCTGAAAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8220
Db 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8220
Qy 8221 CTTAATTTGGAAGAGCGCCGAGCAAGTGAAGAACTTCTGCTTATTTGGCGGATGATTTGAC 8280
Db 8221 CTTAATTTGGAAGAGCGCCGAGCAAGTGAAGAACTTCTGCTTATTTGGCGGATGATTTGAC 8280
Qy 8281 CTGGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8340
Db 8281 CTGGAAGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8340
Qy 8341 AGAATTAACATGCTCATCAATGTTACCTCTGAAATTAACAAAGTGGCAAGCTTA 8400
```

Db 8341 AGAATTAACATCATGTCTATCAATTAATTAACCTTGGAAATTAACCAAAAGGCGAAGCCTTA 8400
 Qy 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCCTGATCCCTTGGAGGCTCTGCCGAGGCTCTGGG 8460
 Db 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCCTGATCCCTTGGAGGCTCTGCCGAGGCTCTGGG 8460
 Qy 8461 ATACAACCCAGTGTGCTGGATGGATGATCTAATCACTACCTAACCTTTTGGGT 8520
 Db 8461 ATACAACCCAGTGTGCTGGATGGATGATCTAATCACTACCTAACCTTTTGGGT 8520
 Qy 8521 TAGCGGTGTTGGCTGCTCATTTTACATGAGAGAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCGA 8580
 Db 8521 TAGCGGTGTTGGCTGCTCATTTTACATGAGAGAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCGA 8580
 Qy 8581 GACGCTGACCTTTGACCTGATGGAGAAAAATTAACGATGCTGTAGAAATCTGCCAG 8640
 Db 8581 GACGCTGACCTTTGACCTGATGGAGAAAAATTAACGATGCTGTAGAAATCTGCCAG 8640
 Qy 8641 CATCATGCTGTGTGACAGGATTTAGAGGCTTTCTGGTGTGCTGACCAAGCTTGA 8700
 Db 8641 CATCATGCTGTGTGACAGGATTTAGAGGCTTTCTGGTGTGCTGACCAAGCTTGA 8700
 Qy 8701 GATCCCTCAGATTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCCCTGCGAGCTGGCG 8760
 Db 8701 GATCCCTCAGATTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCCCTGCGAGCTGGCG 8760
 Qy 8761 AAGAAAGCCAGGCGGCTCTGCCAGCGCCCAAGAGCGGTGGCGAGCACGCAAAAT 8820
 Db 8761 AAGAAAGCCAGGCGGCTCTGCCAGCGCCCAAGAGCGGTGGCGAGCACGCAAAAT 8820
 Qy 8821 GGCTGCTTCTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTCTACCAAGATTTGATTAAGCGAG 8880
 Db 8821 GGCTGCTTCTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTCTACCAAGATTTGATTAAGCGAG 8880
 Qy 8881 CGTGGCTGGTACACCATTTAAATTAATGATGTTTACCTCCCGAGAGGAGATGTGT 8940
 Db 8881 CGTGGCTGGTACACCATTTAAATTAATGATGTTTACCTCCCGAGAGGAGATGTGT 8940
 Qy 8941 TATTACACCAAGAGATTTGAGAAATTTTGGCTGTGATTTT 9000
 Db 8941 TATTACACCAAGAGATTTGAGAAATTTTGGCTGTGATTTT 9000
 Qy 9001 TGGCTTGGCTTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTCTACCAAGATTTGATTAAGCGAG 9060
 Db 9001 TGGCTTGGCTTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTCTACCAAGATTTGATTAAGCGAG 9060
 Qy 9061 CTACAG-----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCGGCAAGGAGAGACCC 916
 Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCGGCAAGGAGAGACCC 9120
 Qy 9117 GGGCTTAAAGAGACCCCGC 9133
 Db 9121 GGGCTTAAAGAGACCCCGC 9137

RESULT 8
 AR230431 9143 bp DNA linear PAT 20-DEC-2002
 LOCUS AR230431 Sequence 390 from patent US 6451578.
 DEFINITION AR230431
 ACCESSION AR230431
 VERSION AR230431.1 GI:27270570
 KEYWORDS
 SOURCE Unknown.
 ORGANISM Unknown.
 Unclassified.
 1 (bases 1 to 9143)
 AUTHORS Simons,J.N., Pilot-Matias,T.J., Dawson,G.J., Schlauder,G.G.,
 Desai,S.M., Leary,T.P., Muerthof,A.S., Erker,J.C., Buljk,S.L. and
 Mushawar,I.K.
 TITLE Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E hepatitis reagents and methods
 for their use
 JOURNAL Patent: US 6451578-A 390 17-SEP-2002;

Abbot Laboratories; Abbot Park, IL
 FEATURES
 source 1..9143
 /organism="unknown"
 /mol_type="genomic DNA"
 ORIGIN
 Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
 Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
 Matches 9096; Conservative 0;
 1 ACCAACAACACTCCAGTTGTTTACATCCCGTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
 Db 1 ACCAACAACACTCCAGTTGTTTACATCCCGTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
 Qy 61 CAGGCGTGGGGAATTTCCCTCGCTGTGCAAGAGGTGAGCCAACTTAATAT 120
 Db 61 CAGGCGTGGGGAATTTCCCTCGCTGTGCAAGAGGTGAGCCAACTTAATAT 120
 Qy 121 GTAGGCGGCGGACATGACGCTGCGGTGATGACAGGCGCAAGCTTGATGAGC 180
 Db 121 GTAGGCGGCGGACATGACGCTGCGGTGATGACAGGCGCAAGCTTGATGAGC 180
 Qy 181 CTTGATGGGCGCTTCAATGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
 Db 181 CTTGATGGGCGCTTCAATGGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
 Qy 241 CCTCCAGATGAGCGCGGCACTGTAGGAAAGACCGGAGACCGGTCACTTACCAAGAGC 300
 Db 241 CCTCCAGATGAGCGCGGCACTGTAGGAAAGACCGGAGACCGGTCACTTACCAAGAGC 300
 Qy 301 CAGACCTCTTTTGGATGATACGCTCCGGAAGTATGAGCAAGCCCACTTATGTGT 360
 Db 301 CAGACCTCTTTTGGATGATACGCTCCGGAAGTATGAGCAAGCCCACTTATGTGT 360
 Qy 361 TGGATGATGGGTTGAGCATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 420
 Db 361 TGGATGATGGGTTGAGCATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 420
 Qy 421 CTGGAGTCTGTAGACCGGTAGACATGCTTTTATTCTTACTCAAAAGTCTGTATAC 480
 Db 421 CTGGAGTCTGTAGACCGGTAGACATGCTTTTATTCTTACTCAAAAGTCTGTATAC 480
 Qy 481 TGGGCGCAAGAGCGCAAGAAACAGACAGAGGCTTCAATTCCTGTCTCAATTAAC 540
 Db 481 TGGGCGCAAGAGCGCAAGAAACAGACAGAGGCTTCAATTCCTGTCTCAATTAAC 540
 Qy 541 ATCTGTTGAAAGGAGCAACGAGCAAGCGCAAGGCTCAAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
 Db 541 ATCTGTTGAAAGGAGCAACGAGCAAGCGCAAGGCTCAAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
 Qy 601 TTAACAATTTGCTGTATCATGATGATGCTTGCAGACATTTGCTCAGGCTTTGCGACG 660
 Db 601 TTAACAATTTGCTGTATCATGATGATGCTTGCAGACATTTGCTCAGGCTTTGCGACG 660
 Qy 661 TCATGTTGGGAGACGCAAGACCTCGCATTAAGTCTCGCAATCTTGAATCTTTGGA 720
 Db 661 TCATGTTGGGAGACGCAAGACCTCGCATTAAGTCTCGCAATCTTGAATCTTTGGA 720
 Qy 721 TTACCTTTGGGAGATTTGATGATTTTCAACTCAACACCTCTTATGAGCCCGCTGTG 780
 Db 721 TTACCTTTGGGAGATTTGATGATTTTCAACTCAACACCTCTTATGAGCCCGCTGTG 780
 Qy 781 GGCAGAGCGGTGCTTGCAGACGTGCGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
 Db 781 GGCAGAGCGGTGCTTGCAGACGTGCGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
 Qy 841 CTGGCTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
 Db 841 CTGGCTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
 Qy 901 TCCCTGATGAGGCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
 Db 901 TCCCTGATGAGGCGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960

Db 901 TCCCTGATGTCGGGCGCGGTCCTGACCCAGACAAATAACAACATCTGACCAATG 960
Qy CTGCACGGATATAGAGTTATCTATTTCTCTCCCTTCACTTGGCTTACAGAGCTGGTGG 1020
Db 961 CTGCACGGATATAGAGTTATCTATTTCTCTCCCTTCACTTGGCTTACAGAGCTGGTGG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTAATCTTCAACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTAATCTTCAACCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGGATCTGGACAGGATCTCTTGGGCTGACACATTTGATTTGGGCGCTCTTGT 1140
Db 1081 TTGGATCTGGACAGGATCTCTTGGGCTGACACATTTGATTTGGGCGCTCTTGT 1140
Qy 1141 GACCTGTGACCCCTTGAATTTGGATTTGTGTGTGCTGTGTATTTAGTCGGTGA 1200
Db 1141 GACCTGTGACCCCTTGAATTTGGATTTGTGTGTGCTGTGTATTTAGTCGGTGA 1200
Qy 1201 GCTTGTACAGGACCTGGCTTATTTCAATAGACCTCAATGAAACTGGTACTTGA 1260
Db 1201 GCTTGTACAGGACCTGGCTTATTTCAATAGACCTCAATGAAACTGGTACTTGA 1260
Qy 1261 AGTCCCACTGGAAATAGATCTCTGGTCTCTAGGGTTTATCGGGGAGATGGCCGCAAGT 1320
Db 1261 AGTCCCACTGGAAATAGATCTCTGGTCTCTAGGGTTTATCGGGGAGATGGCCGCAAGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTCTTGAACCAACTGGCTTCAACAAGTACATAGCTATTTGCACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTCTTGAACCAACTGGCTTCAACAAGTACATAGCTATTTGCACTAT 1380
Qy 1381 GTTTACAGTGTACATCTCTGCGGCTTGGGCTCTGATCTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Db 1381 GTTTACAGTGTACATCTCTGCGGCTTGGGCTCTGATCTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Qy 1441 GTGTATACAGTGTCTCTTCTTGAAGCTTATGCTTATATAGAGGACCTCTGAAA 1500
Db 1441 GTGTATACAGTGTCTCTTCTTGAAGCTTATGCTTATATAGAGGACCTCTGAAA 1500
Qy 1501 CAGGCTGTCACTTCTTCTTGAAGCTTATGCTTATATAGAGGACCTCTGAAA 1560
Db 1501 CAGGCTGTCACTTCTTCTTGAAGCTTATGCTTATATAGAGGACCTCTGAAA 1560
Qy 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTGTCAAGAGTCAATTTGTATGACGTCGAAA 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTGTCAAGAGTCAATTTGTATGACGTCGAAA 1620
Qy 1621 CAGGCTGTCACTTCTTGAAGTAACTCAATCTTGTGTATGACGTCGAAA 1680
Db 1621 CAGGCTGTCACTTCTTGAAGTAACTCAATCTTGTGTATGACGTCGAAA 1680
Qy 1681 TTGCAAGGAGATGTATGTTAAATCAAAATTAACAATGGGCTTGTGCGGTAATGGCAA 1740
Db 1681 TTGCAAGGAGATGTATGTTAAATCAAAATTAACAATGGGCTTGTGCGGTAATGGCAA 1740
Qy 1741 TGTGCACTGTACTGACATATGCGGCTGATGAGTGTGAACGACATCGCAACATTA 1800
Db 1741 TGTGCACTGTACTGACATATGCGGCTGATGAGTGTGAACGACATCGCAACATTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGCTTAAACCGCAATGCGCAACGCGCTCA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGCTTAAACCGCAATGCGCAACGCGCTCA 1860
Qy 1861 ATTGGCATATTAACAATGCTTGTAAATGCTTAAACCTTAAATTTGAGATGTC 1920
Db 1861 ATTGGCATATTAACAATGCTTGTAAATGCTTAAACCTTAAATTTGAGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCACTTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCTGTGA 1980
Db 1921 AGGCACTTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCTGTGA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTTACCAACCGGAGAGTGGGCTAGGTTCCCGGTAACCCCACTGTGTAGC 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTTACCAACCGGAGAGTGGGCTAGGTTCCCGGTAACCCCACTGTGTAGC 2040

Qy 2041 TGTGTTCTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTTCAGTGAATGAAAGACTAGCCACAG 2100
Db 2041 TGTGTTCTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTTCAGTGAATGAAAGACTAGCCACAG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACCAAGACAAAGCTTGGAAAATTAATCAAGTCTTATATTTCCGCAAGGTC 2160
Db 2101 ATTGATCAACCAAGACAAAGCTTGGAAAATTAATCAAGTCTTATATTTCCGCAAGGTC 2160
Qy 2161 TTTGTCCTTAACGGGATTTACCAAGGCGGTGTCTAATTTGTTGGGGTGTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCCTTAACGGGATTTACCAAGGCGGTGTCTAATTTGTTGGGGTGTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAATATCTTATTTTACCTTCTGTTACTGTTTCTGTTTGTGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAATATCTTATTTTACCTTCTGTTACTGTTTCTGTTTGTGGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGTGTTACCTTTTGGCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGGCTGGATGT 2340
Db 2281 TGTGTTACCTTTTGGCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGGCTGGATGT 2340
Qy 2341 TTTGTCCTTAAGCTCAAGTACTCTTTTGTCTTATTTTCTTATCTGTGTCTATCTCCG 2400
Db 2341 TTTGTCCTTAAGCTCAAGTACTCTTTTGTCTTATTTTCTTATCTGTGTCTATCTCCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGCTACGTTATCTGCTCCCTTTTGAAGGTTTGTGCTCCCATGCTGGGCTTGCCT 2460
Db 2401 CTGCAAGCTACGTTATCTGCTCCCTTTTGAAGGTTTGTGCTCCCATGCTGGGCTTGCCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTGTGTGACAGCTGTGCTGCAACAGATTAATGATGATGGTGTGCACTGCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTGTGTGACAGCTGTGCTGCAACAGATTAATGATGATGGTGTGCACTGCT 2520
Qy 2521 AGTGGCAGGTTAGTTTGTGGGCGGGCGGCTGACCGGTGTACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGGCAGGTTAGTTTGTGGGCGGGCGGCTGACCGGTGTACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Qy 2581 AGGTCTTGTGCTGTGCTGCTGCTTAAACCTTGTGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCT 2640
Db 2581 AGGTCTTGTGCTGTGCTGCTGCTTAAACCTTGTGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCT 2640
Qy 2641 TTTTGAATCCGAGATTAATGAGAGGCTGACAAATCAACCTGTATGATGATGATGAT 2700
Db 2641 TTTTGAATCCGAGATTAATGAGAGGCTGACAAATCAACCTGTATGATGATGATGAT 2700
Qy 2701 GTCTGCTTTTGGCTCTTGTGCTCACTTGTATCTGCTGCTGCTTGTATGATCTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTGCTTTTGGCTCTTGTGCTCACTTGTATCTGCTGCTGCTTGTATGATCTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAACGTTGGAGATGTTTGTGGAAGCTTAACTTAAGACCGGAGAGGTTTCTCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTGGAGATGTTTGTGGAAGCTTAACTTAAGACCGGAGAGGTTTCTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTGTTTGTTCCTCCGCTGCAATATGACGCTGTGTGATCTTGTGTGTGCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTGTTTGTTCCTCCGCTGCAATATGACGCTGTGTGATCTTGTGTGTGCA 2880
Qy 2881 CGTACGCTTCTATGTTTAACTATCAGTGAAGATGTTTGTGGATGATCTTGTGTGT 2940
Db 2881 CGTACGCTTCTATGTTTAACTATCAGTGAAGATGTTTGTGGATGATCTTGTGTGT 2940
Qy 2941 TAGGGCCATAGATGTTGTGTGCTGCGAAGTGTCAAGTGTGATCTGATCTGATATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCATAGATGTTGTGTGCTGCGAAGTGTCAAGTGTGATCTGATCTGATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGATGTTTGTGTGAAATGATGTTTCTTATAGCACTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGATGTTTGTGTGAAATGATGTTTCTTATAGCACTTGA 3060
Qy 3061 TGTGATGTTCTTCTTATGATGTTTGTGTGAAATGATGTTTCTTATAGCACTTGA 3120
Db 3061 TGTGATGTTCTTCTTATGATGTTTGTGTGAAATGATGTTTCTTATAGCACTTGA 3120

QY	3121	TTTTGAAGGCAAGGC	AAGGCTCTATAGCAATGAAGAAGACGCTTGGCGTGTGGGCAC	3180
Db	3121	TTTTGAAGGCAAGGC	AGGCTCTATAGCAATGAAGAAGACGCTTGGCGTGTGGGCAC	3180
QY	3181	GGTTGAGTGTGGCCGTTGGTGGCGCTCCGGGACCTTGTTTGGCAGGGTTGGCTAT		3240
Db	3181	GGTGAATGGTGTGGCCGTTGGTGGCGCTCCGGGACCTTGTTTGGCAGGGTTAGCTAT		3240
QY	3241	GCCCGCAGATGGGTTGGGCATTTACCGACCTTTTAAACCTCGACAGTCTCTCTGACCTGG		3300
Db	3241	GCCCCAGATGGGTTGGGCATTTACCGACCTTTTAAACCTCGACAGTCTCTCTGACCTGG		3300
QY	3301	CACGCTGTACGCGATGGCGAGTGTGATGACTGTATAGACCCCGGAACTTGGATGGAAC		3360
Db	3301	CACGCTGTACGCGATGGCGAGTGTGATGACTGTATAGACCCCGGAACTTGGATGGAAC		3360
QY	3361	TATCTTCAGATTAGATTCCTGGCCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGCAACGGTGT		3420
Db	3361	TATCTTCAGATTAGATTCCTGGCCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGCAACGGTGT		3420
QY	3421	GTATACCTGCTACCATGGCAGCAGAGGGCGCGCGTTGGCTCATCCCAAGGCTCTATACA		3480
Db	3421	GTATACCTGCTACCATGGCAGCAGAGGGCGCGCGTTGGCTCATCCCAAGGCTCTATACA		3480
QY	3481	CCCAATAACGGTTGACGGCGGCTAATGACACAGACATCTATCAACCAACCATGTGGAGCTGG		3540
Db	3481	CCCAATAACGGTTGACGGCGGCTAATGACACAGACATCTATCAACCAACCATGTGGAGCTGG		3540
QY	3541	GTCCCTTACTGGTGCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGATTCGGTAAACAGACTGGGGTTC		3600
Db	3541	GTCCCTTACTGGTGCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGATTCGGTAAACAGACTGGGGTTC		3600
QY	3601	ATTGGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGGCGGGCGCTTCCCAT		3660
Db	3601	ATTGGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGGCGGGCGCTTCCCAT		3660
QY	3661	GGCTGTGGCCAAAGGGTCTTCAAGGTGCCCGGATTCGTGTCTCTCCGGGCACTGTTATTGG		3720
Db	3661	GGCTGTGGCCAAAGGGTCTTCAAGGTGCCCGGATTCGTGTCTCTCCGGGCACTGTTATTGG		3720
QY	3721	GATGTTCACCGCTGCTAATAAATTCCTGGGGTTCACTGATGATGATTAGGGTTAGCCGTT		3780
Db	3721	GATGTTCACCGCTGCTAATAAATTCCTGGGGTTCACTGATGATGATTAGGGTTAGCCGTT		3780
QY	3781	GGTGTGCTGGAATCCATCCCGAGTACACAGCATGSCCACTCTTGTTACAAAACTTAC		3840
Db	3781	GGTGTGCTGGAATCCATCCCGAGTACACAGCATGSCCACTCTTGTTACAAAACTTAC		3840
QY	3841	TGTGCTTACGAGATTCAGTGCAAATTTTATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC		3900
Db	3841	TGTGCTTACGAGATTCAGTGCAAATTTTATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC		3900
QY	3901	CAAAATTACCATTTTCTTACATGACAGAGAAATGAGAGTCTTGGTCTTAAATCCCAAGT		3960
Db	3901	CAAAATTACCATTTTCTTACATGACAGAGAAATGAGAGTCTTGGTCTTAAATCCCAAGT		3960
QY	3961	GGCTTCAACAGCATCAATGCGCAAAATGATGACGCGACGTCACGGCGGAATCCAAATTG		4020
Db	3961	GGCTTCAACAGCATCAATGCGCAAAATGATGACGCGACGTCACGGCGGAATCCAAATTG		4020
QY	4021	CTAATTTTATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGCGAT		4080
Db	4021	CTAATTTTATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGCGAT		4080
QY	4081	GTAACCTGACCGGAGCATGTTCGCCGAATCTAGATGTATCAATTTGTGACGATGCGCAGC		4140
Db	4081	GTAACCTGACCGGAGCATGTTCGCCGAATCTAGATGTATCAATTTGTGACGATGCGCAGC		4140
QY	4141	TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATTGAAAGGTCTTAAACGGAAGCTCATCCAAAAA		4200
Db	4141	TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATTGAAAGGTCTTAAACGGAAGCTCATCCAAAAA		4200
QY	4201	TGTTAAGGCTAGTGTCTTGGCCACGGCTACCCCGCTGGAGTAACTCCTAACACACATGC		4260

Db	4201	TGTTAGGCTAGTGGTTCCTTGCCACGGCTACCCCCCTTGAGTATCCCTACACCACTGC	4260
Qy	4261	CAACATPAACTGAGATTCAATTMACCGATGAAGGCACTATCCCTTCATGAAAAAAGAT	4320
Db	4261	CAACATPAACTGAGATTCAATTMACCGATGAAGGCACTATCCCTTCATGAAAAAAGAT	4320
Qy	4321	TAAAGAGAAAATCTGAGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG	4380
Db	4321	TAAAGAGAAAATCTGAGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG	4380
Qy	4381	TGATGAGCTTGCTPACGAGTTAGCTCGAAGAGGAATAACAGCTGTCTCTACTATAGAGG	4440
Db	4381	TGATGAGCTTGCTPACGAGTTAGCTCGAAGAGGAATAACAGCTGTCTCTACTATAGAGG	4440
Qy	4441	ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGTAGTGTGCCACTGATGCTTGTG	4500
Db	4441	ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGTAGTGTGCCACTGATGCTTGTG	4500
Qy	4501	TACAGGGTACACTGTGACTTTGTATTCGTGTATGACTGACGCTCATGTGTAGAAGCAC	4560
Db	4501	TACAGGGTACACTGTGACTTTGTATTCGTGTATGACTGACGCTCATGTGTAGAAGCAC	4560
Qy	4561	ATGCGACGTTCACCTTACCCCTACTTTCACATGAGGGTTCGTGTGCGGGGTTGACG	4620
Db	4561	ATGCGACGTTCACCTTACCCCTACTTTCACATGAGGGTTCGTGTGCGGGGTTGACG	4620
Qy	4621	AATAGTTAAAGGCGCAGGCTAGGGGCGCACAGGCGCTGGGAGAGCTGGCATATCTACTA	4680
Db	4621	AATAGTTAAAGGCGCAGGCTAGGGGCGCACAGGCGCTGGGAGAGCTGGCATATCTACTA	4680
Qy	4681	TGTAGACGGAGATTGTATCCCTTCGGGTATGTTCTGTAAATGCACAATTGTTGAGCCTT	4740
Db	4681	TGTAGACGGAGATTGTATCCCTTCGGGTATGTTCTGTAAATGCACAATTGTTGAGCCTT	4740
Qy	4741	CGACGCGACCAAGGCAATGTATGGTTGTATCAACAAGAAAGCTCAAACTTCCTGACAC	4800
Db	4741	CGACGCGACCAAGGCAATGTATGGTTGTATCAACAAGAAAGCTCAAACTTCCTGACAC	4800
Qy	4801	CTATCGACCCCAACCTGAGGTACCTCGGATAGAGCAAAATTTGGACGAGTGGCTGATCT	4860
Db	4801	CTATCGACCCCAACCTGAGGTACCTCGGATAGAGCAAAATTTGGACGAGTGGCTGATCT	4860
Qy	4861	CTTTTCTATGTGTCAACCCCGAACCCTTCATTTGTCAATACGCAAAAAAGAACTGTCGAA	4920
Db	4861	CTTTTCTATGTGTCAACCCCGAACCCTTCATTTGTCAATACGCAAAAAAGAACTGTCGAA	4920
Qy	4921	TTATGTTTGTGTACTGACGCCCACTACATCTGTCTATCAGATAGGCTATGCTGCTCC	4980
Db	4921	TTATGTTTGTGTACTGACGCCCACTACATCTGTCTATCAGATAGGCTATGCTGCTCC	4980
Qy	4981	CAATGACGCAACAAGGTGGCAAGGAGCGCGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTTCGTG	5040
Db	4981	CAATGACGCAACAAGGTGGCAAGGAGCGCGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTTCGTG	5040
Qy	5041	GCGCTTGGACGGCCTGACGCTGTCTGTGGCCCAAGGCCAGAGGTGACCAAGTACCA	5100
Db	5041	GCGCTTGGACGGCCTGACGCTGTCTGTGGCCCAAGGCCAGAGGTGACCAAGTACCA	5100
Qy	5101	AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGGGACAGCGCACTCGTGTGGCGTTTGAAGT	5160
Db	5101	AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGGGACAGCGCACTCGTGTGGCGTTTGAAGT	5160
Qy	5161	GGCTATGGCTATCTAAGCAATTGACCTTTTGGGCACTGTGTGCGGGCGTGTGGTGTG	5220
Db	5161	GGCTATGGCTATCTAAGCAATTGACCTTTTGGGCACTGTGTGCGGGCGTGTGGTGTG	5220
Qy	5221	TATTGACATCAATCTCCTACCGGTGTACTGTGCCCCAGTGGTTTGCAGAAAGAAATGT	5280
Db	5221	TATTGACATCAATCTCCTACCGGTGTACTGTGCCCCAGTGGTTTGCAGAAAGAAATGT	5280
Qy	5281	GGAGAGTGTCAATCATTCATTTCCCTTGGAGGCCATGGTTGCTGCAATGCATTAAGCTGAA	5340

Dh 5281 GGAGAGTGTGCATCATTCATTCCTCCCTGGAGGCCATGTTGCTGCATTCGATTAAGCTGAA 5340
Qy 5341 GAGTACATATCACCAACTAGTCTCTTTCATCATTTGGAAAACCGCCCTTGGAAAACTTAAAC 5400
Dh 5341 GAGTACATATCACCAACTAGTCTCTTTCATCATTTGGAAAACCGCCCTTGGAAAACTTAAAC 5400
Qy 5401 CTTTCTTGGGCTCATGCACTGATCAATCTTGTCTATCATAGATATTTGCTGTGTTTAACT 5460
Dh 5401 CTTTCTTGGGCTCATGCACTGATCAATCTTGTCTATCATAGATATTTGCTGTGTTTAACT 5460
Qy 5461 CACTTTCCTGACATCCCTTGTGATCATATGCTGTGTTTGTCTTCAATGCGGCTATTAATC 5520
Dh 5461 CACTTTCCTGACATCCCTTGTGATCATATGCTGTGTTTGTCTTCAATGCGGCTATTAATC 5520
Qy 5521 CCCACTACTGACAAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGGAGGCGCAATTTGGCTCAA 5580
Dh 5521 CCCACTACTGACAAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGGAGGCGCAATTTGGCTCAA 5580
Qy 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTTCAATATGCGCGGCTGCGGGAACAGCTCT 5640
Dh 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTTCAATATGCGCGGCTGCGGGAACAGCTCT 5640
Qy 5641 TGTGACATGACATCGGTTGTTTGTCTTGTGATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
Dh 5641 TGTGACATGACATCGGTTGTTTGTCTTGTGATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
Qy 5701 ATCCACTGCTTGTGACATTAATGCTTATGAGTGGAGTGGCCCACTATGATCAGCT 5760
Dh 5701 ATCCACTGCTTGTGACATTAATGCTTATGAGTGGAGTGGCCCACTATGATCAGCT 5760
Qy 5761 TGTGTTTGTGATCTACTCCGCGTTCAATCCGCGCGGAGAGTTGTTGGCGCTTGTGACG 5820
Dh 5761 TGTGTTTGTGATCTACTCCGCGTTCAATCCGCGCGGAGTTGTTGGCGCTTGTGACG 5820
Qy 5821 TTTGTCATATGTTTCTTGTGACACAGAGGCGCGCATGCGCCCAACAGACTCTTAC 5880
Dh 5821 TTTGTCATATGTTTCTTGTGACACAGAGGCGCGCATGCGCCCAACAGACTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTGCTAGAGACAACTGATGATTAATGATGATCTTATTTGSCCATGCTGATCCG 5940
Dh 5881 TATGCTGCTAGAGACAACTGATGATTAATGATGATCTTATTTGSCCATGCTGATCCG 5940
Qy 5941 CAGGAAGATACGCGGCAATCTGAGGACATCACTCCCTGAGTGTCAATCAGCTTCAT 6000
Dh 5941 CAGGAAGATACGCGGCAATCTGAGGACATCACTCCCTGAGTGTCAATCAGCTTCAT 6000
Qy 6001 CCGTGTGCTCAACACCCCGAGAGGATGATTTGGGCTCATTTGCTTGGGCTTAAAG 6060
Dh 6001 CCGTGTGCTCAACACCCCGAGAGGATGATTTGGGCTCATTTGCTTGGGCTTAAAG 6060
Qy 6061 TTTGTCATATGTTTCTTGTGATTTGCTTATTAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Dh 6061 TTTGTCATATGTTTCTTGTGATTTGCTTATTAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Qy 6121 GAGCATGTTAAATCTCTGTTGTCTTCTCAAGCTGCGCAAGAGGCTTAAAGCTGAGTTCA 6180
Dh 6121 GAGCATGTTAAATCTCTGTTGTCTTCTCAAGCTGCGCAAGAGGCTTAAAGCTGAGTTCA 6180
Qy 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTTCAAGACGCTGCTCAATGCGGTCTAACTCATCTTTTC 6240
Dh 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTTCAAGACGCTGCTCAATGCGGTCTAACTCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGATGTTTGTGCAAACTTTCACAAAGACCGAAGCTTCAATTAATGAGT 6300
Dh 6241 TGTGAGATGTTTGTGCAAACTTTCACAAAGACCGAAGCTTCAATTAATGAGT 6300
Qy 6301 AGGGCTGTTTCAATCAACGCTAGGCTGTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGT 6360
Dh 6301 AGGGCTGTTTCAATCAACGCTAGGCTGTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGT 6360
Qy 6361 GACTAGTCTGTTGCTCAATTAATGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGT 6420
Dh 6361 GACTAGTCTGTTGCTCAATTAATGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGT 6420

Qy 6421 TCACATTTTGTGACAGATATCTCTCCAAATGTCGTGTTTCAACCCAGTGGCCCAAC 6480
Dh 6421 TCACATTTTGTGACAGATATCTCTCCAAATGTCGTGTTTCAACCCAGTGGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGAGCGGCTGATCAGGTTCACTGTTATCTAGTGAAGCCCA 6540
Dh 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGAGCGGCTGATCAGGTTCACTGTTATCTAGTGAAGCCCA 6540
Qy 6541 AACTCCTTGAACGACATCTGCTGTGATGCTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 6600
Dh 6541 AACTCCTTGAACGACATCTGCTGTGATGCTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCCGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTG 6660
Dh 6601 GCTTCCCTTCCGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTG 6660
Qy 6661 TGCATTTGAGACAAATGATCTGATTAATTCACAAACAACTCTAGTGAAGCCGAGT 6720
Dh 6661 TGCATTTGAGACAAATGATCTGATTAATTCACAAACAACTCTAGTGAAGCCGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTGTTTTCACAAAGAGTGGCGGCTGACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
Dh 6721 GTCCGCTCTGTTTTCACAAAGAGTGGCGGCTGACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGGCTGACACACCAAACTGCGAGCCCTCCATCGAAGAGTATGATGAAGAA 6840
Dh 6781 AGCTGGCTGACACACCAAACTGCGAGCCCTCCATCGAAGAGTATGATGAAGAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTTTCCGCGCAAGAACTGGTTGCTTACCTTCCCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
Dh 6841 GCGCAGTTTCCGCGCAAGAACTGGTTGCTTACCTTCCCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
Qy 6901 AGGAGTGTCAATGCTGAAAGCTGCAACGAAAGTCAACCTGTTAAAGCTTCAAACT 6960
Dh 6901 AGGAGTGTCAATGCTGAAAGCTGCAACGAAAGTCAACCTGTTAAAGCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCGTCTTCAACACCTGTTCTACATGTTGAGTGGCAGTCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Dh 6961 CCGTCTTCAACACCTGTTCTACATGTTGAGTGGCAGTCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACCTTTCATGCAATGAGTGTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 7080
Dh 7021 GTGTAACCTTTCATGCAATGAGTGTGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATG 7080
Qy 7081 TTTAACCGATTACCTTCCCAAAAGAGTCTGTAATGCTGACGAAAGTGTGCTGAC 7140
Dh 7081 TTTAACCGATTACCTTCCCAAAAGAGTCTGTAATGCTGACGAAAGTGTGCTGAC 7140
Qy 7141 GGCTACAAACCTTTCAGTACGTTACTGACCCCTCCCTCAACCTTAAAGTATGAGT 7200
Dh 7141 GGCTACAAACCTTTCAGTACGTTACTGACCCCTCCCTCAACCTTAAAGTATGAGT 7200
Qy 7201 TTTCACTGATGACCCCTCCCAAAAGAGTCTGTAATGCTGACGAAAGTGTGCTGAC 7260
Dh 7201 TTTCACTGATGACCCCTCCCAAAAGAGTCTGTAATGCTGACGAAAGTGTGCTGAC 7260
Qy 7261 TTTGTCATATGTTTCTTGTGATTTGCTTATTAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 7320
Dh 7261 TTTGTCATATGTTTCTTGTGATTTGCTTATTAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 7320
Qy 7321 TGTGTCGCAACTGCGGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTG 7380
Dh 7321 TGTGTCGCAACTGCGGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTG 7380
Qy 7381 GACTAGCGCGGAGTACGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGT 7440
Dh 7381 GACTAGCGCGGAGTACGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGTCTGAGT 7440
Qy 7441 GTTCCCTTCAATCAACGAGTGAATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 7500
Dh 7441 GTTCCCTTCAATCAACGAGTGAATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 7500

QY 7501 CGATGTCATGTGGAGACTATGATGAAAGTAGACAGCTCAACGCCCTCTAAGTCTGCTAAGTC 7560
DB 7501 CGATGTCATGTGGAGACTATGATGAAAGTAGACAGCTCAACGCCCTCTAAGTCTGCTAAGTC 7560
QY 7561 CCACATCTACTGACCTTCCGGGGGCACTGATGTTGTTCTGGAGCAGCCCGCAGAGCTGTTCT 7620
DB 7561 CCACATCTACTGACCTTCCGGGGGCACTGATGTTGTTCTGGAGCAGCCCGCAGAGCTGTTCT 7620
QY 7621 GGAATCTGCAAGAGTGTGTGAGAGCAGAGTGAATACCGAGTCAATTCGCGCAACTGTGAT 7680
DB 7621 GGAATCTGCAAGAGTGTGTGAGAGCAGAGTGAATACCGAGTCAATTCGCGCAACTGTGAT 7680
QY 7681 AGTTCGCAAGAGAGAGAGCTCTGCTGTAAGACCCCGCAAGAACCAACCAAGAACCCCGCAG 7740
DB 7681 AGTTCGCAAGAGAGAGAGCTCTGCTGTAAGACCCCGCAAGAACCAACCAAGAACCCCGCAG 7740
QY 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGAGATGTGTTGAGAAATGTACTACGCTCAGGT 7800
DB 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGAGATGTGTTGAGAAATGTACTACGCTCAGGT 7800
QY 7801 TGTCTCTGACGTAAGTAAAGCTGTCACTGGAGATGCTGCGGTTGTGATCCACGTAC 7860
DB 7801 TGTCTCTGACGTAAGTAAAGCTGTCACTGGAGATGCTGCGGTTGTGATCCACGTAC 7860
QY 7861 CGGTGCAAGCGTCTGTGTCAGATGTCACCCGATGTCAGGAGCCAGACATGCGATAC 7920
DB 7861 CGGTGCAAGCGTCTGTGTCAGATGTCACCCGATGTCAGGAGCCAGACATGCGATAC 7920
QY 7921 AGTGTGTTTGAAGTAAAGCTGTCACTGGAGATGCTGCGGTTGTGATCCACGTAC 7980
DB 7921 AGTGTGTTTGAAGTAAAGCTGTCACTGGAGATGCTGCGGTTGTGATCCACGTAC 7980
QY 7981 AGCAGCTAACTGATGACCAACCGAGCTGCTTCAACCACTTGGCAGCGAGTTATA 8040
DB 7981 AGCAGCTAACTGATGACCAACCGAGCTGCTTCAACCACTTGGCAGCGAGTTATA 8040
QY 8041 CGGTGAGAGACGATGATGCTTATGATGCGCGAGATGCGATGATGCTGATGATGATG 8100
DB 8041 CGGTGAGAGACGATGATGCTTATGATGCGCGAGATGCGATGATGCTGATGATGATG 8100
QY 8101 TTCCGGCGTCTATCTACTCTCAAGTTTCAAGTTTGAACCTGCTGAGTGAAGTAAATGC 8160
DB 8101 TTCCGGCGTCTATCTACTCTCAAGTTTCAAGTTTGAACCTGCTGAGTGAAGTAAATGC 8160
QY 8161 TGCAGCGCAACGAGCTGCGATGAAGAACCTGCTTCTTATTTGGCGGATGATGATGCAC 8220
DB 8161 TGCAGCGCAACGAGCTGCGATGAAGAACCTGCTTCTTATTTGGCGGATGATGATGCAC 8220
QY 8221 CGTAAATTTGAAAGAGCGCGGAGACAGATGACAGCAACCAAGCAATGCGTCTTGGCTAG 8280
DB 8221 CGTAAATTTGAAAGAGCGCGGAGACAGATGACAGCAACCAAGCAATGCGTCTTGGCTAG 8280
QY 8281 CTGATGAGAGTGTGATGAGCAACCAAGATGTTGCTTCAACCAATACAGTTTGA 8340
DB 8281 CTGATGAGAGTGTGATGAGCAACCAAGATGTTGCTTCAACCAATACAGTTTGA 8340
QY 8341 AGAATTAACATCATGCTCAATTAATTTACTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTGA 8400
DB 8341 AGAATTAACATCATGCTCAATTAATTTACTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTGA 8400
QY 8401 CTACTTTCTTAAGAGATCCTGATGCCCTGTCAGGAGTCTGCGCGAGGAGTGGG 8460
DB 8401 CTACTTTCTTAAGAGATCCTGATGCCCTGTCAGGAGTCTGCGCGAGGAGTGGG 8460
QY 8461 ATACAACCCAGTGTGCTGATGAGATGAGTATCTAATACATCACTAACCTGTTTGTGGGT 8520
DB 8461 ATACAACCCAGTGTGCTGATGAGATGAGTATCTAATACATCACTAACCTGTTTGTGGGT 8520
QY 8521 TAGCGGTGTGTGTGCTGCTCAATTTCAAGAGACATGCTCTTTGAGGACAACTTCCGA 8580
DB 8521 TAGCGGTGTGTGTGCTGCTCAATTTCAAGAGACATGCTCTTTGAGGACAACTTCCGA 8580
QY 8581 GACGGTGAACCTTGAATGATGAGGAAATTAATACGATGCTGTAAGAGATCTGCCAG 8640

DB 8581 GACTGTGACCTTTGACTGTGATGAGGAAATTAATACGATGCTGTAAGAGATCTGCCAG 8640
QY 8641 CATCATTTGCTGTGTGACACGATTAAGGCTTCTCGGTGTGCGCTACACCAACGCTGA 8700
DB 8641 CATCATTTGCTGTGTGACACGATTAAGGCTTCTCGGTGTGCGCTACACCAACGCTGA 8700
QY 8701 GATCTCTGAGTGTTCCTCAATCACTAAGACATGACATGACATGACATGACATGACATG 8760
DB 8701 GATCTCTGAGTGTTCCTCAATCACTAAGACATGACATGACATGACATGACATGACATG 8760
QY 8761 AAAGAAAGCAGAGGAGGCTCTGCGCAGGACCAAGAGGCGTGGCGAGACACGCAAAATT 8820
DB 8761 AAAGAAAGCAGAGGAGGCTCTGCGCAGGACCAAGAGGCGTGGCGAGACACGCAAAATT 8820
QY 8821 GGTCTGCTTCTTCTCTGTCATGCTAATCTAAGCTTCAACCAATTTGATTAAGACGAG 8880
DB 8821 GGTCTGCTTCTTCTCTGTCATGCTAATCTAAGCTTCAACCAATTTGATTAAGACGAG 8880
QY 8881 CGTGTGCTGATACACCTTCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8940
DB 8881 CGTGTGCTGATACACCTTCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8940
QY 8941 TATTACACACAGAGAGATGACAGAGTTCCTGTAAGTATTTGCTGCTGATGATGAT 9000
DB 8941 TATTACACACAGAGAGATGACAGAGTTCCTGTAAGTATTTGCTGCTGATGATGATGAT 9000
QY 9001 TGCCTAGGCTCATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
DB 9001 TGCCTAGGCTCATGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
QY 9061 CTAAAG---TTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT 9116
DB 9061 TTAACAGTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTT 9120
QY 9117 GGGCTTAAAGACCCCGC 9133
DB 9121 GGGCTTAAAGACCCCGC 9137
RESULT 9
AR230434 9143 bp DNA linear PAT 20-DEC-2002
LOCUS AR230434
DEFINITION Sequence 393 from patent US 6451578.
ACCESSION AR230434
VERSION AR230434.1 GI:27270573
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Unknown.
REFERENCE Unclassified.
1 (bases 1 to 9143)
AUTHORS Simons,J.N., Pilot-Matias,T.J., Dawson,G.J., Schlauder,G.G.,
Desai,S.M., Leary,T.P., Muerhoff,A.S., Eiker,J.C., Buljk,S.L. and
Mushawar,I.K.
TITLE Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E hepatitis reagents and methods
for their use
JOURNAL Patent: US 6451578-A 393 17-SEP-2002;
Abbot Laboratories; Abbott Park, IL
FEATURES
source
1..9143
/organism="unknown"
/mol_type="genomic DNA"
ORIGIN
Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
QY 1 ACCACAAACACTCCAGTTTGTATCACTCGCGTGAAGAAATCTCTGAGACACCCCTTAG 60
DB 1 ACCACAAACACTCCAGTTTGTATCACTCGCGTGAAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
QY 61 CAGGGCGTGGGAGATTTCCCTGCTGTCAGAAAGGATGAGCAACCACTTAGTAT 120


```
Db 61 CAGGCGCGGGGATTTCCCTGCGCCGCTGCAAGAGGTGAGACCAACCTTAATAT 120
Qy GTAGCGCGCGGGACTATGACGCTCGCGTATGACAAGCGCCAAAGCTTGAATGATG 180
Db 121 GTAGCGCGCGGGACTATGACGCTCGCGTATGACAAGCGCCAAAGCTTGAATGATG 180
Qy 181 CCTGATGAGGCGTTATGAGGTTGAGTGTGAGGCTTTAGGAGCGCTTCCAGCCCA 240
Db 181 CCTGATGAGGCGTTATGAGGTTGAGTGTGAGGCTTTAGGAGCGCTTCCAGCCCA 240
Qy 241 CCTCCCAATAGACGCGCGGCACTGTAGGAGAGACCGGGAACCGGTCACTACCAAG 300
Db 241 CCTCCCAATAGACGCGCGGCACTGTAGGAGAGACCGGGAACCGGTCACTACCAAG 300
Qy 301 CAGACCTCTTTTATGATATCAAGCGCTCGGAAAGTATGAGGCAAGCCCACTATAT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTATGATATCAAGCGCTCGGAAAGTATGAGGCAAGCCCACTATAT 360
Qy 361 TGGGATGAGTGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGG 420
Db 361 TGGGATGAGTGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGG 420
Qy 421 CTGGGAGTCTGTGACCGGTAGCAATGCTGTATTTCTACAAAGTCTGTACC 480
Db 421 CTGGGAGTCTGTGACCGGTAGCAATGCTGTATTTCTACAAAGTCTGTACC 480
Qy 481 TGGGCCCAAGACGCGCAAGAACAGACGACGAGCTTCAATCTGTGCTCAATTAAC 540
Db 481 TGGGCCCAAGACGCGCAAGAACAGACGAGCTTCAATCTGTGCTCAATTAAC 540
Qy 541 ATCTGTGAAAGGGGACAAACGAGCAAGCGCAAGTCCAGGCGATCGGCTCGTAA 600
Db 541 ATCTGTGAAAGGGGACAAACGAGCAAGCGCAAGTCCAGGCGATCGGCTCGTAA 600
Qy 601 TTACAAATATGCTGTATTCATGATGCTTGCAGACATGCTGAGGCTGTTTGCAGC 660
Db 601 TTACAAATATGCTGTATTCATGATGCTTGCAGACATGCTGAGGCTGTTTGCAGC 660
Qy 661 TCATGTTGGGGAGCCCAAGACCTCGCCATTAATCTCGCAATTTGGAAATCCTTTCGA 720
Db 661 TCATGTTGGGGAGCCCAAGACCTCGCCATTAATCTCGCAATTTGGAAATCCTTTCGA 720
Qy 721 TTACCTTTGGGGTGTGATTTGGTATGTTAACTACACACCTTAAGAGCCGCTGTG 780
Db 721 TTACCTTTGGGGTGTGATTTGGTATGTTAACTACACACCTTAAGAGCCGCTGTG 780
Qy 781 GGCAGAGACCGGTCTTGCACCAAGTCTGCAAGATAGTACGCTTGTGAGAGATGAGTCAA 840
Db 781 GGCAGAGACCGGTCTTGCACCAAGTCTGCAAGATAGTACGCTTGTGAGAGATGAGTCAA 840
Qy 841 CTGGGCTACTGTGTGTTGGTGTGTCACCTTTTGTGTGTATGCTGTATCTTTGGGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGTGTGTTGGTGTGTCACCTTTTGTGTGTATGCTGTATCTTTGGGCTG 900
Qy 901 TCCCTGTATGAGGAGCGGCGGTCACTGACCCAGACAAATACCAATTCGACCAATG 960
Db 901 TCCCTGTATGAGGAGCGGCGGTCACTGACCCAGACAAATACCAATTCGACCAATG 960
Qy 961 CTGCGACGTAATCAGGTTATCTATATGTTCTCTTCACTTGCCTTACACAGAGCTG 1020
Db 961 CTGCGACGTAATCAGGTTATCTATATGTTCTCTTCACTTGCCTTACACAGAGCTG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGAGTTCGCCCAATCCGATCACTCAACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGAGTTCGCCCAATCCGATCACTCAACCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGGAAGTGGACGGAAGTCTCTTGTGCTGACCAATGATTTTGTATGAGGCGCTGTG 1140
Db 1081 TTGGAAGTGGACGGAAGTCTCTTGTGCTGACCAATGATTTTGTATGAGGCGCTGTG 1140
Qy 1141 GACCTGTAGCGCCCTTGAATGAGTGTGAGTGTGCTGTGATTAAGTCCGTGACTG 1200
Db 1141 GACCTGTAGCGCCCTTGAATGAGTGTGAGTGTGCTGTGATTAAGTCCGTGACTG 1200
Qy 1201 GCTTGTAGGACACTGTGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGATCTTGTACTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTAGGACACTGTGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGATCTTGTACTGGA 1260
Qy 1261 AGTCCCACTGGAATGATCTGTGGTTCTAGAGGTTTATCGGGTATGAGCGCGCAAGT 1320
Db 1261 AGTCCCACTGGAATGATCTGTGGTTCTAGAGGTTTATCGGGTATGAGCGCGCAAGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACCAACTGCGCTTCAAGATACCAATACCTATTTGGA 1380
Db 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACCAACTGCGCTTCAAGATACCAATACCTATTTGGA 1380
Qy 1381 GTTATGAGTATCACTACTAGCGGAGTGTGGGCTGTATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
Db 1381 GTTATGAGTATCACTACTAGCGGAGTGTGGGCTGTATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
Qy 1441 GTGATATCAATGTCTCTAGCGCTTATGCTTATCATAGAAAGCGACTTGGAAACCTAT 1500
Db 1441 GTGATATCAATGTCTCTAGCGCTTATGCTTATCATAGAAAGCGACTTGGAAACCTAT 1500
Qy 1501 CAGGTCGCCACTGAGTGTCTCAATAGCTGATTTGCTCGCTTGTATGATACATGTCC 1560
Db 1501 CAGGTCGCCACTGAGTGTCTCAATAGCTGATTTGCTCGCTTGTATGATACATGTCC 1560
Qy 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGATGATGAGAAATGATTTGATACAGTCCAAAGTGGAC 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGATGATGAGAAATGATTTGATACAGTCCAAAGTGGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTCTAGATATTAACAATCATATCTTGTGATACCCCTATCAATCCCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTCTAGATATTAACAATCATATCTTGTGATACCCCTATCAATCCCTGG 1680
Qy 1681 TGCAGGGGATGTATGTTAAATTCAAATAACATAGGAGTGTGCTGCTGATTTGCCAA 1740
Db 1681 TGCAGGGGATGTATGTTAAATTCAAATAACATAGGAGTGTGCTGCTGATTTGCCAA 1740
Qy 1741 TGTGCAATGTGTACTGCACTATGAGGCACTGATGAGTGTGAAACGACCTGCCAACCTTA 1800
Db 1741 TGTGCAATGTGTACTGCACTATGAGGCACTGATGAGTGTGAAACGACCTGCCAACCTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATAGCTTAACACGAGTGCACAAACGCTCAGCCGTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATAGCTTAACACGAGTGCACAAACGCTCAGCCGTGAA 1860
Qy 1861 ATTGGCTATATTAATACCTCGGTGTAAAGAAATGTTAACTCAATATGATGTGTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAATACCTCGGTGTAAAGAAATGTTAACTCAATATGATGTGTC 1920
Qy 1921 AGGCAATTTGTATTTTGAAGGATCAATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCGTGAA 1980
Db 1921 AGGCAATTTGTATTTTGAAGGATCAATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCGTGAA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGGAGAGTGGCTAGGTTCCCGGTACCCCACTGTGTATG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGGAGAGTGGCTAGGTTCCCGGTACCCCACTGTGTATG 2040
Qy 2041 TGGTCTTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTATGTGAAGACCTAGCACAGG 2100
Db 2041 TGGTCTTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTATGTGAAGACCTAGCACAGG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACCAAGACCAAGCTTGAAGAAATTAATCAGGTTTATATTCGCCACGGGTGC 2160
Db 2101 ATTGATCAACCAAGACCAAGCTTGAAGAAATTAATCAGGTTTATATTCGCCACGGGTGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTACCGGAGTTTACACCAAGGCTGTGATCTGTTTGTGAGGCTGTG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACCGGAGTTTACACCAAGGCTGTGATCTGTTTGTGAGGCTGTG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACCTGTGTTACTTGTGTTTGTGAGGCGCGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACCTGTGTTACTTGTGTTTGTGAGGCGCGCTTC 2280
```

QY 2281 TGGTTACCCCTTGGCGTGGTGGTCCGACATCCGAGTGTATCTCAAGGCTGGGAGATGT 2340
Db 2281 TGGTTACCCCTTGGCGTGGTGGTCCGACATCCGAGTGTATCTCAAGGCTGGGAGATGT 2340
QY 2341 TTTGTCTAAGGCTCAAGTAGCTCTTTTGTGATTTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTAAGGCTCAAGTAGCTCTTTTGTGATTTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
QY 2401 CTGCAAGGCTAGCTATAGCTGCGCTTTTAAAGGTTTGGCCATGAGGCTGGGCTTGGCCCT 2460
Db 2401 CTGCAAGGCTAGCTATAGCTGCGCTTTTAAAGGTTTGGCCATGAGGCTGGGCTTGGCCCT 2460
QY 2461 AACTTCTTGTGTGACAGGCTGCTGCCCAACAGATTATGATGGTGGGTGCGACTGT 2520
Db 2461 AACTTCTTGTGTGACAGGCTGCTGCCCAACAGATTATGATGGTGGGTGCGACTGT 2520
QY 2521 AGTGGCAGGGTAGTTTGTGGGCGGCGGTAAACGAGTGTCAACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGGCAGGGTAGTTTGTGGGCGGCGGTAAACGAGTGTCAACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
QY 2581 AGGTCTTGGGCTCTGTGAGCGCTTTTAAACCTCTTTCATTTTGTGACGCTGTCTGAC 2640
Db 2581 AGGTCTTGGGCTCTGTGAGCGCTTTTAAACCTCTTTCATTTTGTGACGCTGTCTGAC 2640
QY 2641 TTTTGTATACCGAGATATTTGGAGGGGTGCAATATCAACCTGTATAGATTTAGTTGTCT 2700
Db 2641 TTTTGTATACCGAGATATTTGGAGGGGTGCAATATCAACCTGTATAGATTTAGTTGTCT 2700
QY 2701 GTCTGCTTTGGCTCTTGTGCTCACTGTATCCTGCTGTGCTTATAGTTAACTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTGCTTTGGCTCTTGTGCTCACTGTATCCTGCTGTGCTTATAGTTAACTCTATCT 2760
QY 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATTTGTTTGAACGTTACACTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATTTGTTTGAACGTTACACTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGTGCTGTGTTTGTTCCTGGGTGGCAATATGACGGCTGTGTGACTTTGTGTGTGTGA 2880
Db 2821 TGTGCTGTGTTTGTTCCTGGGTGGCAATATGACGGCTGTGTGACTTTGTGTGTGTGA 2880
QY 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAAACATCCAGTGCAGCATGTTCTTGGGACTGACTAGGCT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAAACATCCAGTGCAGCATGTTCTTGGGACTGACTAGGCT 2940
QY 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGGTGGTCTCGAAAAGTGTCAATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGGTGGTCTCGAAAAGTGTCAATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
QY 3001 TCTTAAAGTTTTCCTTATGTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
Db 3001 TCTTAAAGTTTTCCTTATGTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
QY 3061 TGGTGAATGTTGCTTAAATGATTTTGTCTGAAACTAATGCAAGAGCCATTTTCCC 3120
Db 3061 TGGTGAATGTTGCTTAAATGATTTTGTCTGAAACTAATGCAAGAGCCATTTTCCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAGACGCTTGGCGTGGGACAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAGACGCTTGGCGTGGGACAC 3180
QY 3181 GGTGTATGTTTGGCGGTGTGGCGGTCTCGCGACCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3240
Db 3181 GGTGTATGTTTGGCGGTGTGGCGGTCTCGCGACCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3240
QY 3241 GCGCGAGATGGTGGGCAATTACCGACCTTTAGCTGAGTGTCTCTGTAAGTGTG 3300
Db 3241 GCGCGAGATGGTGGGCAATTACCGACCTTTAGCTGAGTGTCTCTGTAAGTGTG 3300
QY 3301 CACGCTGTGAGCATGGCAGTGTGATGACTGTGTATAGACCCCGAATTTGATGTGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTGAGCATGGCAGTGTGATGACTGTGTATAGACCCCGAATTTGATGTGAAC 3360

QY 3361 TATCTTCAAGATTAGATCTGTGGCCACTAGCTATAGGGAATTTGTGTGACAGTGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAAGATTAGATCTGTGGCCACTAGCTATAGGGAATTTGTGTGACAGTGTGT 3420
QY 3421 GTATATCTGCTCAACATGAGCAGAGGGGCGCGTTGGCTCATCCCAAGGCTCTATATAC 3480
Db 3421 GTATATCTGCTCAACATGAGCAGAGGGGCGCGTTGGCTCATCCCAAGGCTCTATATAC 3480
QY 3481 CCCAATTAACCGTTGACGGGCTTAATGACAGGACATCTATCAACACCAATGAGGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGGGCTTAATGACAGGACATCTATCAACACCAATGAGGCTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTACGAGTGTCTTGTGGGAGAGACCAAGGGATCTGTATACACGACTGGGCTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACGAGTGTCTTGTGGGAGAGACCAAGGGATCTGTATACACGACTGGGCTTC 3600
QY 3601 ATTGTTAAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
Db 3601 ATTGTTAAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
QY 3661 GGCCTGTGCGAAGGTTCTTCAAGTGGCCGATTCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3720
Db 3661 GGCCTGTGCGAAGGTTCTTCAAGTGGCCGATTCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGCGGCTTCACTAGTCAAGATTAGGGTTAGGCGCTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGCGGCTTCACTAGTCAAGATTAGGGTTAGGCGCTT 3780
QY 3781 GGTGTGTGTGTGTATCAATCCCGAGTACACAGCAATGCACTCTTGTATCAAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGTGTATCAATCCCGAGTACACAGCAATGCACTCTTGTATCAAAACCTTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTACCGATATTCAGTGCAAATTTTATTTGCCCACTGGAGGGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTACCGATATTCAGTGCAAATTTTATTTGCCCACTGGAGGGGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTTACCACTTCTTACATGACAGAGATGATGAGTCTTGTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTTACCACTTCTTACATGACAGAGATGATGAGTCTTGTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGCCTAACAGCATATGCAAGTACATGACAGGAGTACAGCGGAGTACCGGCTGTAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGCCTAACAGCATATGCAAGTACATGACAGGAGTACAGCGGAGTACCGGCTGTAATCCAAATTTG 4020
QY 4021 CTATTTTAAATGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGATACAGATATGAGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGATACAGATATGAGCAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTATCATTTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTATCATTTTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGTGGGCAATGGAAGTCTTAAACGGAAGCTCCATCCAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGTGGGCAATGGAAGTCTTAAACGGAAGCTCCATCCAAAA 4200
QY 4201 TGTATGAGTATGTTCTTGGCAAGGCTTACCCCCCTGAGATATTCCTTACACCAATATG 4260
Db 4201 TGTATGAGTATGTTCTTGGCAAGGCTTACCCCCCTGAGATATTCCTTACACCAATATG 4260
QY 4261 CAAACATTAACGATTAACGATGAGGACATATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAAACATTAACGATTAACGATGAGGACATATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
QY 4321 TAAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTAGGCTTACCAAAAAACATG 4380
Db 4321 TAAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTAGGCTTACCAAAAAACATG 4380
QY 4381 TATATGAGTGTCTTAAACGATGTGCTGAAAGGGAATTAACAGCTGTCTTTATCTATAGGGG 4440
Db 4381 TATATGAGTGTCTTAAACGATGTGCTGAAAGGGAATTAACAGCTGTCTTTATCTATAGGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTATGATTTGCACTGATGCTTGTG 4500

```
Db 4441 ATGTGACATCTAAAAATCCCGAGAGGCGACGTGTAGTGTGACACGTGACCTTGTG 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACTGTGATCTTGTATTCGTGTATGATGCTGACGCTCATGTGTAGAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGTGATCTTGTATTCGTGTATGATGCTGACGCTCATGTGTAGAGGAC 4560
Qy 4561 ATGCATGTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTT 4620
Db 4561 ATGCATGTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTT 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCGAGCGGAGGCGGACAGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCGAGCGGAGGCGGACAGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4680
Qy 4681 TGTAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4740
Db 4681 TGTAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4740
Qy 4741 CGACGAGCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4800
Db 4741 CGACGAGCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4800
Qy 4801 CTATGCGACCCAACTGGGTTACTGCGATGAGAGCAAAATTTGGACGAGTGGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCGACCCAACTGGGTTACTGCGATGAGAGCAAAATTTGGACGAGTGGGCTGATCT 4860
Qy 4861 CTTTCTATGTCGCAACCCCGAACCCTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGACGTCGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGTCGCAACCCCGAACCCTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGACGTCGACAA 4920
Qy 4921 TTATGTTTGTGACGCGCACTGATCACTGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
Db 4921 TTATGTTTGTGACGCGCACTGATCACTGATCATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
Qy 4981 CAATGACGACCAACGCTGGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5040
Db 4981 CAATGACGACCAACGCTGGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5040
Qy 5041 GCGCTGAGAGGCGGCTGAGCGGCTGCTGCGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5100
Db 5041 GCGCTGAGAGGCGGCTGAGCGGCTGCTGCGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5100
Qy 5101 AATGCTCTTCACTGAGAGTCAATCTTCTGGGAGAGCGGACCTCGTGTGGCGTTGAGGT 5160
Db 5101 AATGCTCTTCACTGAGAGTCAATCTTCTGGGAGAGCGGACCTCGTGTGGCGTTGAGGT 5160
Qy 5161 GGCTATGCTTATCTAGGCACTTGAACATTTGGCGGCACTTGTGTGCGGCTTGTCTGCTG 5220
Db 5161 GGCTATGCTTATCTAGGCACTTGAACATTTGGCGGCACTTGTGTGCGGCTTGTCTGCTG 5220
Qy 5221 TATTCATCATGCTCCCTACCGGAGTCTGCTGCGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5280
Db 5221 TATTCATCATGCTCCCTACCGGAGTCTGCTGCGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 5280
Qy 5281 GGAGGAGTGTGATCATCTTCTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 5340
Db 5281 GGAGGAGTGTGATCATCTTCTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 5340
Qy 5341 GAGTACATCAACCACTAGTCTTTCATCTTGAACCGGCGGCTTGAACCACTTGAACAC 5400
Db 5341 GAGTACATCAACCACTAGTCTTTCATCTTGAACCGGCGGCTTGAACCACTTGAACAC 5400
Qy 5401 CTTTCTGAGGCTCATGAGTCAACATCTTGTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
Db 5401 CTTTCTGAGGCTCATGAGTCAACATCTTGTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
Qy 5461 CACTTACCTGACATCTTGTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
Db 5461 CACTTACCTGACATCTTGTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
Qy 5521 CCCACTACCTGACATCTTGTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
Db 5521 CCCACTACCTGACATCTTGTGATCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
```

QY	6661	TGCAC	TTGAGCA	CAAA	TGCTGT	TA	TTCC	CAAA	CAAC	CTCT	AG	TA	TGA	AGCCG	CA	GT	6720	
Db	6661	TGCA	CTTGAGCA	CAAA	TGCTGT	TA	TTCC	CAAA	CAAC	CTCT	AG	TA	TGA	AGCCG	CA	GT	6720	
QY	6721	GTCCG	CTCTGT	TTT	CAAA	CGAG	ATTG	CGCG	CG	TA	CAAA	CCAA	TAT	TGCT	TGA	GAGCA	TTTC	6780
Db	6721	GTCCG	CTCTGT	TTT	CAAA	CGAG	ATTG	CGCG	CG	TA	CAAA	CCAA	TAT	TGCT	TGA	GAGCA	TTTC	6780
QY	6781	AGCTG	GGGTT	GAC	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	6840
Db	6781	AGCTG	GGGTT	GAC	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	CA	6840
QY	6841	GC	GC	CA	AGTT	CC	GGG	CA	AA	GA	CT	GT	TC	CT	TA	CT	TC	6900
Db	6841	GC	GC	CA	AGTT	CC	GGG	CA	AA	GA	CT	GT	TC	CT	TA	CT	TC	6900
QY	6901	AG	AG	AGT	GC	AT	AGT	CT	CT	AA	AG	CC	CG	TA	AG	CC	CG	6960
Db	6901	AG	AG	AGT	GC	AT	AGT	CT	CT	AA	AG	CC	CG	TA	AG	CC	CG	6960
QY	6961	CC	CC	CT	CT	TA	CA	CA	CT	GT	TT	CA	CA	AGT	TG	GC	AT	7020
Db	6961	CC	CC	CT	CT	TA	CA	CA	CT	GT	TT	CA	CA	AGT	TG	GC	AT	7020
QY	7021	GT	GT	TA	CC	CT	TT	CA	CT	GA	AT	TG	CA	TA	GC	AA	CA	7080
Db	7021	GT	GT	TA	CC	CT	TT	CA	CT	GA	AT	TG	CA	TA	GC	AA	CA	7080
QY	7081	TT	TA	CC	CA	GT	TA	CC	CT	CC	CA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	7140
Db	7081	TT	TA	CC	CA	GT	TA	CC	CT	CC	CA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	7140
QY	7141	GG	CT	TA	CA	AA	CG	TT	TC	AG	CT	AG	TT	CA	CT	TA	CA	7200
Db	7141	GG	CT	TA	CA	AA	CG	TT	TC	AG	CT	AG	TT	CA	CT	TA	CA	7200
QY	7201	TT	TC	CA	CT	CA	GT	CA	GG	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	7260
Db	7201	TT	TC	CA	CT	CA	GT	CA	GG	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	CC	7260
QY	7261	TT	CG	TA	CA	CA	GT	CA	CT	TA	CA	CT	TA	CA	CT	TA	CA	7320
Db	7261	TT	CG	TA	CA	CA	GT	CA	CT	TA	CA	CT	TA	CA	CT	TA	CA	7320
QY	7321	TC	GT	CT	GC	AA	CT	CG	GG	CA	CT	CA	CT	CA	CT	CA	CT	7380
Db	7321	TC	GT	CT	GC	AA	CT	CG	GG	CA	CT	CA	CT	CA	CT	CA	CT	7380
QY	7381	G	A	C	T	G	A	G	C	G	G	A	T	G	C	G	A	7440
Db	7381	G	A	C	T	G	A	G	C	G	G	A	T	G	C	G	A	7440
QY	7441	GT	T	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	7500
Db	7441	GT	T	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	C	7500
QY	7501	CG	G	T	GC	TA	CT	GC	GG	CA	CT	CA	CT	CA	CT	CA	CT	7560
Db	7501	CG	G	T	GC	TA	CT	GC	GG	CA	CT	CA	CT	CA	CT	CA	CT	7560
QY	7561	CC	A	C	A	T	C	A	C	T	G	G	G	C	A	C	T	7620
Db	7561	CC	A	C	A	T	C	A	C	T	G	G	G	C	A	C	T	7620
QY	7621	GA	C	T	T	G	C	A	G	A	G	T	G	T	G	C	A	7680
Db	7621	GA	C	T	T</													

QY	7741	CCCTATCTCGTACCCCCACCTTGAANAATGAGTGTGTGAGAGATCTACACGCTCAGGT	7800
Db	7741	GCTTATCTCGTACCCCCACCTTGAANAATGAGTGTGTGAGAGATCTACACGCTCAGGT	7800
QY	7801	TGCTCTCAGCGTAGTAAAGCTGTGCATGGGAAATGCGTACGGGTTGTATGCCACTAC	7860
Db	7801	TGCTCTCAGCGTAGTAAAGCTGTGCATGGGAAATGCGTACGGGTTGTATGCCACTAC	7860
QY	7861	CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGCGATGTGTGCACCCGATGCAGTCCGAGCCCATGCGATAC	7920
Db	7861	CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGCGATGTGTGCACCCGATGCAGTCCGAGCCCATGCGATAC	7920
QY	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACCATCATCACCCGAGATATCATGTGTGGAAACAGACATCTATCTC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACCATCATCACCCGAGATATCATGTGTGGAAACAGACATCTATCTC	7980
QY	7981	AGCAGCTAAACTCAGTGCACCAACACCGAGCTGGCATTCACACATTGCCGAGCAAGTATATA	8040
Db	7981	AGCAGCTAAACTCAGTGCACCAACACCGAGCTGGCATTCACACATTGCCGAGCAAGTATATA	8040
QY	8041	CGCTGAGAGACCGATGATTCGCTTATGATGGCCGAGAGATCGATATCTGATGTAGTGTGC	8100
Db	8041	CGCTGAGAGACCGATGATTCGCTTATGATGGCCGAGAGATCGATATCTGATGTAGTGTGC	8100
QY	8101	TTCCGCGGCTCTATCTACTCTCAAGTTCCAAACAGTTTGACCTGCTGGCTGAAGTAAATGC	8160
Db	8101	TTCCGCGGCTCTATCTACTCTCAAGTTCCAAACAGTTTGACCTGCTGGCTGAAGTAAATGC	8160
QY	8161	TGCACCCGAAACAGGCTGGCATAGAAACCTGCTTCTTATTTGGCGCATGTATTCAC	8220
Db	8161	TGCACCCGAAACAGGCTGGCATAGAAACCTGCTTCTTATTTGGCGCATGTATTCAC	8220
QY	8221	CGTAAATTTGGAAGACGCGCCGAGACAGATGCAGACAAACAGCAATGCGTCTTTTGCTAG	8280
Db	8221	CGTAAATTTGGAAGACGCGCCGAGACAGATGCAGACAAACAGCAATGCGTCTTTTGCTAG	8280
QY	8281	CTGGATGAAGGTGATGGGTGCACACACAAGATTTGTGTCTCAACCCCAATATACAGTTTGA	8340
Db	8281	CTGGATGAAGGTGATGGGTGCACACACAAGATTTGTGTCTCAACCCCAATATACAGTTTGA	8340
QY	8341	AGAAATTAACATATGCTCATCAAAATGTTACCTCTGGAATTACCAAAAGTGGCAAGCCTTA	8400
Db	8341	AGAAATTAACATATGCTCATCAAAATGTTACCTCTGGAATTACCAAAAGTGGCAAGCCTTA	8400
QY	8401	CTACTTTCCTTACAGAGATCCTCGTATCCCCCTTGGCAGGTGCTCTGCACGAGGGTCTGGG	8460
Db	8401	CTACTTTCCTTACAGAGATCCTCGTATCCCCCTTGGCAGGTGCTCTGCACGAGGGTCTGGG	8460
QY	8461	ATACAAACCCAGTGTCTGCGTGAATTTGGGTATCTAATACATCACTACCATGTTTGTGGGT	8520
Db	8461	ATACAAACCCAGTGTCTGCGTGAATTTGGGTATCTAATACATCACTACCATGTTTGTGGGT	8520
QY	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTGCATTTTCAATTCATGAGACAGATGCTTTTGAAGAACAACTTCCGA	8580
Db	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTGCATTTTCAATTCATGAGACAGATGCTTTTGAAGAACAACTTCCGA	8580
QY	8581	GACGGTGAACCTTGAACCTGTATGGGAAAAATTATACGTTGCTGTAGAAAGATCTGCCAG	8640
Db	8581	GACGGTGAACCTTGAACCTGTATGGGAAAAATTATACGTTGCTGTAGAAAGATCTGCCAG	8640
QY	8641	CATCATTTGCTGTGTGTCAGCGTATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCGCTACACCAACGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTGCTGTGTGTCAGCGTATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCGCTACACCAACGCTGA	8700
QY	8701	GATCTCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACCAATGCCCCCTCGCAGGCTGGCG	8760
Db	8701	GATCTCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACCAATGCCCCCTCGCAGGCTGGCG	8760
QY	8761	AAAGAAAGCAGAGGCGGTCTCTGCGCCAGCGCAAGAGGCTGGCGGAGCACACGCAAAATT	8820
Db	8761	AAAGAAAGCAGAGGCGGTCTCTGCGCCAGCGCAAGAGGCTGGCGGAGCACACGCAAAATT	8820
QY	8821	GGCTGCGTTCCTTCTCTGCGATGCTACATCTAGACCTTACACAGATTTGATTAAGCAG	8880

|||||
Db 8821 GGCTCGCTTCTCTCGGCAATGCTACATCTAGACCTCTACAGATTGGATAGACGAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTCGGTACACCACTTTCAATATATGATGATTTTACCTCCCGAGGGGGATGTGT 8940
Db 8881 CGTGGCTCGGTACACCACTTTCAATATATGATGATTTTACCTCCCGAGGGGGATGTGT 8940
Qy 8941 TATTACACACAGAGAGATGACAGAGTTCTTGTAGATATTTGGCTGTCATTGTTT 9000
Db 8941 TGTTAACACACAGAGAGATGACAGAGTTCTTGTAGATATTTGGCTGTCATTGTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTAGGGCTCATTTGCTGTGATTTAGCATAGCTGAACCCCAATTCAAAATTAA 9060
Db 9001 TGCCCTAGGGCTCATTTGCTGTGATTTAGCATAGCTGAACCCCAATTCAAAATTAA 9060
Qy 9061 CTACAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATAGGACAGGCAACAGGGAGACCC 9116
Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATAGGACAGGCAACAGGGAGACCC 9120
Qy 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133
Db 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137

RESULT 10
AR310126 9143 bp DNA linear PAT 12-JUN-2003
LOCUS AR310126
DEFINITION Sequence 390 from patent US 6558898.
ACCESSION AR310126
VERSION AR310126.1 GI:31702404
KEYWORDS
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 9143)
AUTHORS Simon,J.N., Pilot-Matias,T.J., Dawson,G.J., Schlauder,G.G.,
Desai,S.M., Leary,T.P., Muirhoff,A.S., Erker,J.C., Builjk,S.L. and
Muehlbauer,I.K.
TITLE Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E hepatitis reagents and methods
for their use
JOURNAL Patent: US 6558898-A 390 06-MAY-2003;
Abbot Laboratories; Abbott Park, IL
FEATURES
source location/Qualifiers
1..9143
/organism="Unknown"
/mol_type="genomic DNA"

ORIGIN
Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

Qy 1 ACCAACAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
Db 1 ACCAACAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
Qy 61 CAGGCGCTGGGGATTTTCCCTGCGCTCTGCAAGAGGTGAGACCAACCTTATAT 120
Db 61 CAGGCGCTGGGGATTTTCCCTGCGCTCTGCAAGAGGTGAGACCAACCTTATAT 120
Qy 121 GTAGGCGGCGGAGACTCATGACGCTCGCGTATGACAAGCGCCAAAGCTTGAATTGATG 180
Db 121 GTAGGCGGCGGAGACTCATGACGCTCGCGTATGACAAGCGCCAAAGCTTGAATTGATG 180
Qy 181 CTTGATGCGGCTTCAATGAGGTTTGGTGTGATGAGCGCTTTAGGACGCTTCAAGCCCA 240
Db 181 CTTGATGCGGCTTCAATGAGGTTTGGTGTGATGAGCGCTTTAGGACGCTTCAAGCCCA 240
Qy 241 CTTCCCAATATAGAGGCGGCACTGTATAGGAAGACCGGGACCGGTACTATCAAGAGCG 300
Db 241 CTTCCCAATATAGAGGCGGCACTGTATAGGAAGACCGGGACCGGTACTATCAAGAGCG 300
Qy 301 CAGACCTCTTTTGTAGATCAAGCGCTCGGAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360

|||||
Db 301 CAGACCTCTTTTGTAGATCAAGCGCTCGGAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Qy 361 TGGATGCTGGGTTGGCATCCATACCGTACTCGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT 420
Db 361 TGGATGCTGGGTTGGCATCCATACCGTACTCGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT 420
Qy 421 CTGGAGTCTCTGATAGCCGTAGACATGCTGTTATTTCTACTGAAACAACTCTCTGAC 480
Db 421 CTGGAGTCTCTGATAGCCGTAGACATGCTGTTATTTCTACTGAAACAACTCTCTGAC 480
Qy 481 TGCGCCAGAACCGGCAAGAACAGACAGCGAGGCTTCATATCTGTGTCATTAAAC 540
Db 481 TGCGCCAGAACCGGCAAGAACAGACAGCGAGGCTTCATATCTGTGTCATTAAAC 540
Qy 541 ATCTGTGAAGAGGGAACAAGAGAACCGCAAGCTCAGCGGCATGTCGGCTCTGTA 600
Db 541 ATCTGTGAAGAGGGAACAAGAGAACCGCAAGCTCAGCGGCATGTCGGCTCTGTA 600
Qy 601 TTACAAATATGCTGTATCCATGATGAGCTTGACACATTTGGCTCAGGCTGTTGCCAGC 660
Db 601 TTACAAATATGCTGTATCCATGATGAGCTTGACACATTTGGCTCAGGCTGTTGCCAGC 660
Qy 661 TCATGTTGGGAGCGCCAAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAACTCTTCTGA 720
Db 661 TCATGTTGGGAGCGCCAAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAACTCTTCTGA 720
Qy 721 TTACCTTTGGGGTGTGATTTGATGATTTTCACTCAACACCTTATAGGCCCCGTGT 780
Db 721 TTACCTTTGGGGTGTGATTTGATGATTTTCACTCAACACCTTATAGGCCCCGTGT 780
Qy 781 GGCAGAGCGAGTCTGTCAGACAGTCTGCAAGTATGATGAGCTTGTGAGAGATGAGTCA 840
Db 781 GGCAGAGCGAGTCTGTCAGACAGTCTGCAAGTATGATGAGCTTGTGAGAGATGAGTCA 840
Qy 841 CTGGGCTACTGTTGTTGCTGTGCTGCACTTTTGTGTGATGTCATCTTTGGCCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGTTGTTGCTGTGCTGCACTTTTGTGTGATGTCATCTTTGGCCTG 900
Qy 901 TCCCTGTATGAGGGCGCGGCTCACTGACCCAGACAAATACCAATCTTGCACCAATTG 960
Db 901 TCCCTGTATGAGGGCGCGGCTCACTGACCCAGACAAATACCAATCTTGCACCAATTG 960
Qy 961 CTGCGACGTAATAGGTTATCTATATTTCTCTTCACTTGCCTTACAGAGCTGTGTG 1020
Db 961 CTGCGACGTAATAGGTTATCTATATTTCTCTTCACTTGCCTTACAGAGCTGTGTG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGGACAGTGTGCTGCTCCGCGCAATCCGTACATCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGACAGTGTGCTGCTCCGCGCAATCCGTACATCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGACCTGCAACGAGCTCTTCTTGGCTGACACATTTGTTGTATGAGCGCTCTGT 1140
Db 1081 TTGACCTGCAACGAGCTCTTCTTGGCTGACACATTTGTTGTATGAGCGCGCTCTGT 1140
Qy 1141 GACCTGTAGAGCCCTTACATTTGTGTGATGTTGTGTGCTGTATTTAGTGGTACTG 1200
Db 1141 GACCTGTAGAGCCCTTACATTTGTGTGATGTTGTGTGCTGTATTTAGTGGTACTG 1200
Qy 1201 GCTTGTAGGCACTGAGCTTATTTCACTATGACCTTCAATGAAACTGTATCTTGA 1260
Db 1201 GCTTGTAGGCACTGAGCTTATTTCACTATGACCTTCAATGAAACTGTATCTTGA 1260
Qy 1261 AGTCCCACTGGAATATGATCTGGGTTCTTATAGGTTTATCGGTTGATGCGGCAAGT 1320
Db 1261 AGTCCCACTGGAATATGATCTGGGTTCTTATAGGTTTATCGGTTGATGCGGCAAGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAACAGGCTTCAAGATACCATATGCGTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAACAGGCTTCAAGATACCATATGCGTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGAGTGTACTTACCTGCGGTTGGGCTCTGATCTATGCTCTCGGGGCA 1440
Db 1381 GTTTAGAGTGTACTTACCTGCGGTTGGGCTCTGATCTATGCTCTCGGGGCA 1440

Db 1381 GTTAGCAGTGTACACTACCTGGCGGTGGCGCTGATCTACTATGCTCTCGGGGCAA 1440
 Qy 1441 GTGGTATCAGTTGCTCTAGCCGTTATGCTTTACATAGAAAGGAACTCTGGAAACCTTAT 1500
 Db 1441 GTGGTATCAGTTGCTCTAGCCGTTATGCTTTACATAGAAAGGAACTCTGGAAACCTTAT 1500
 Qy 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATAGCTAGTTTGTGCTGCTTGGATGATACATGTC 1560
 Db 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATAGCTAGTTTGTGCTGCTTGGATGATACATGTC 1560
 Qy 1561 TTGGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTGCAAGAGTCATTGTGTACAGTCCAAAGTGAAC 1620
 Db 1561 TTGGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTGCAAGAGTCATTGTGTACAGTCCAAAGTGAAC 1620
 Qy 1621 CAGGCTTATCAGTCTGAGTATTAACAATCTCCATATTTGTGTACCCCTTATACATCCCTGG 1680
 Db 1621 CAGGCTTATCAGTCTGAGTATTAACAATCTCCATATTTGTGTACCCCTTATACATCCCTGG 1680
 Qy 1681 TTGGCAAGGAGTGTATGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGGCTGCTATTGCA 1740
 Db 1681 TTGGCAAGGAGTGTATGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGGCTGCTATTGCA 1740
 Qy 1741 TTGGCAAGGAGTGTATGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGGCTGCTATTGCA 1800
 Db 1741 TTGGCAAGGAGTGTATGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGGCTGCTATTGCA 1800
 Qy 1801 CCAAGTATGCGGTGTAAACATGCTGTAACACCGCATGGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
 Db 1801 CCAAGTATGCGGTGTAAACATGCTGTAACACCGCATGGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
 Qy 1861 ATTGGCTATTAACAATTCCTGGGTCTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
 Db 1861 ATTGGCTATTAACAATTCCTGGGTCTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
 Qy 1921 AGGCCATTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGAA 1980
 Db 1921 AGGCCATTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGAA 1980
 Qy 1981 TTCCACTCTCCATCCACCGGAGAGGTGGGTAGGTGCCCCGATCCCACTGTGTAG 2040
 Db 1981 TTCCACTCTCCATCCACCGGAGAGGTGGGTAGGTGCCCCGATCCCACTGTGTAG 2040
 Qy 2041 TGGTCTTGGTTCACAGGTCGCGAAGGTTTTTACAGTATGTAAGACTGACCAAG 2100
 Db 2041 TGGTCTTGGTTCACAGGTCGCGAAGGTTTTTACAGTATGTAAGACTGACCAAG 2100
 Qy 2101 ATTGATCACCAAGACCAAGCTGAAATAATATCAGGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC 2160
 Db 2101 ATTGATCACCAAGACCAAGCTGAAATAATATCAGGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC 2160
 Qy 2161 TTTGTCTCTTAAGGAGTTACCAACCAAGGCGTGTGTATTTCTGTGGGGTGTGTGG 2220
 Db 2161 TTTGTCTCTTAAGGAGTTACCAACCAAGGCGTGTGTATTTCTGTGGGGTGTGTGG 2220
 Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGGCTACTGTTACTGTTACTGTTGTTTGGGCGGCTTC 2280
 Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGGCTACTGTTACTGTTACTGTTGTTTGGGCGGCTTC 2280
 Qy 2281 TGGTATCCCTTGTGCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGAGTGTGGATGT 2340
 Db 2281 TGGTATCCCTTGTGCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGAGTGTGGATGT 2340
 Qy 2341 TTTGTCTTAAGCTCAAGTGTCTTTTGTGTGTATTTCTGTGTATCTGTGTGTGTGT 2400
 Db 2341 TTTGTCTTAAGCTCAAGTGTCTTTTGTGTGTATTTCTGTGTATCTGTGTGTGTGT 2400
 Qy 2401 CCGCAGGCTATGTTAGTGTGCTTTTAAAGGTTTGGCATGGCTGCGGGCTGCGCT 2460
 Db 2401 CCGCAGGCTATGTTAGTGTGCTTTTAAAGGTTTGGCATGGCTGCGGGCTGCGCT 2460
 Qy 2461 AACTTTCTTTTGTGACAGAGCTGTCCCAACCAAGATTAATGATGTGTGGGTGTGACTGCT 2520
 Db 2461 AACTTTCTTTTGTGACAGAGCTGTCCCAACCAAGATTAATGATGTGTGGGTGTGACTGCT 2520

Qy 2521 AGTGCAGGGTTAGTTTTGTGGGCGGCGGTAAACCGTGTGACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
 Db 2521 AGTGCAGGGTTAGTTTTGTGGGCGGCGGTAAACCGTGTGACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
 Qy 2581 AGGTCTTGTGCTGTAGCGCTTTTAAACCTCTGTGCAATTTGTGTACCGCTGTGAC 2640
 Db 2581 AGGTCTTGTGCTGTAGCGCTTTTAAACCTCTGTGCAATTTGTGTACCGCTGTGAC 2640
 Qy 2641 TTTTGAATACCAAGATTAATTTGAGGGCTGACATACCACTGTATAGCATTAAGTGTAT 2700
 Db 2641 TTTTGAATACCAAGATTAATTTGAGGGCTGACATACCACTGTATAGCATTAAGTGTAT 2700
 Qy 2701 GTCTGTTTGGCTCTTTTGTGCTCACTTGTATCTGTGTGCTGTAGTAACTCCATAT 2760
 Db 2701 GTCTGTTTGGCTCTTTTGTGCTCACTTGTATCTGTGTGCTGTAGTAACTCCATAT 2760
 Qy 2761 TTGGCAAGGTTGGAGAAATGTTTGTGAACTTTACATTAAGACCGGAGGTTTTCCT 2820
 Db 2761 TTGGCAAGGTTGGAGAAATGTTTGTGAACTTTACATTAAGACCGGAGGTTTTCCT 2820
 Qy 2821 TTGTGCTGTTGTTTCCCGGTGCGCATATGACCGGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTA 2880
 Db 2821 TTGTGCTGTTGTTTCCCGGTGCGCATATGACCGGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTA 2880
 Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAACATCCAGTGCAGCATGTTCTTGGGACTGACTTAGGGT 2940
 Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAACATCCAGTGCAGCATGTTCTTGGGACTGACTTAGGGT 2940
 Qy 2941 TAGGCGCATAGAAATGTTGTGCTGTGCGAAAGTGTCAATGCTGTATTTCAATATGT 3000
 Db 2941 TAGGCGCATAGAAATGTTGTGCTGTGCGAAAGTGTCAATGCTGTATTTCAATATGT 3000
 Qy 3001 TCTTAAAGTTTTCTCTTATAGTGTGTGTGAGATGTTGTTTCTATTAACACTGTGA 3060
 Db 3001 TCTTAAAGTTTTCTCTTATAGTGTGTGTGAGATGTTGTTTCTATTAACACTGTGA 3060
 Qy 3061 TGGTATGCTTGTGCTTAAATGATTTTGGCTGCGAACTAACATGCAAGAGCAATTTTCCC 3120
 Db 3061 TGGTATGCTTGTGCTTAAATGATTTTGGCTGCGAACTAACATGCAAGAGCAATTTTCCC 3120
 Qy 3121 TTTTGAAGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGACGCTTGTGCGGAGCAC 3180
 Db 3121 TTTTGAAGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGACGCTTGTGCGGAGCAC 3180
 Qy 3181 GGTGATGTTTGTGCGGCTTGTGCGGCTCTGCGCACTTGTGCGAGGTTTGTACTAT 3240
 Db 3181 GGTGATGTTTGTGCGGCTTGTGCGGCTCTGCGCACTTGTGCGAGGTTTGTACTAT 3240
 Qy 3241 GCGGCGAGTGGGTGGGCAATTACCGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
 Db 3241 GCGGCGAGTGGGTGGGCAATTACCGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
 Qy 3301 CAGGCTGTACAGGATGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3360
 Db 3301 CAGGCTGTACAGGATGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3360
 Qy 3361 TATCTTCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3420
 Db 3361 TATCTTCAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3420
 Qy 3421 GTATCTGTCTCAACATGAGGAGCAAGGAGGCGGTTGGTGTATCCACAGGCTGTAT 3480
 Db 3421 GTATCTGTCTCAACATGAGGAGCAAGGAGGCGGTTGGTGTATCCACAGGCTGTAT 3480
 Qy 3481 CCAATTAACCGTTGACGCGGCTTAATGACCAAGGATCTATCAACCAATGTGAGCTGG 3540
 Db 3481 CCAATTAACCGTTGACGCGGCTTAATGACCAAGGATCTATCAACCAATGTGAGCTGG 3540
 Qy 3541 GTCCCTTACTCGGTCTTGTGCGGAGACCAAGGGGTATCTGTATCAACCACTGGGCTC 3600
 Db 3541 GTCCCTTACTCGGTCTTGTGCGGAGACCAAGGGGTATCTGTATCAACCACTGGGCTC 3600


```
QY 3601 ATGTGTTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTTGTTGTCGGGGCCCTTCCCAT 3660
Db 3601 ATGTGTTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTTGTTGTCGGGGCCCTTCCCAT 3660
QY 3661 GGCTGTTGCCAAGGGTCTTCAGAGTCCCGATTCTGTGCTCCTCCGGGCATGTTATTTGG 3720
Db 3661 GGCTGTTGCCAAGGGTCTTCAGAGTCCCGATTCTGTGCTCCTCCGGGCATGTTATTTGG 3720
QY 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAAATTCGTGGGTTCACTGTCAGTCAATTAAGGTTAAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAAATTCGTGGGTTCACTGTCAGTCAATTAAGGTTAAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTGCTGGAATACCAATCCCGATACAGACATGCGCACTCTTGAATACAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGCTGGAATACCAATCCCGATACAGACATGCGCACTCTTGAATACAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCAGAAATTTTATTTGCCCCCACTGGCAGCGGCATGCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCAGAAATTTTATTTGCCCCCACTGGCAGCGGCATGCAAC 3900
QY 3901 CAAATTAACCACTTTCTTAATGATGACGAGAGATGAGGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCACTTTCTTAATGATGACGAGAGATGAGGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGCTTAACAACAGATCAATGCCAAAGTATGTCACGCGCATGCGGCTGAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGCTTAACAACAGATCAATGCCAAAGTATGTCACGCGCATGCGGCTGAATCCAAATTTG 4020
QY 4021 CTATTTTAAATGGAATGTACCAACAGGGGGCTTCACTTAAGTAAAGCAATATGAGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGGAATGTACCAACAGGGGGCTTCACTTAAGTAAAGCAATATGAGAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGGAGATGTTCCCGGAATATGATGATATCATTTTGTGACGATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGATGTTCCCGGAATATGATGATATCATTTTGTGACGATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAGGTCTTAAACGAAGCTCATCCAAATA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAGGTCTTAAACGAAGCTCATCCAAATA 4200
QY 4201 TGTTAAGGTAGTGTCTTGGCAGGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTAACACCAATGC 4260
Db 4201 TGTTAAGGTAGTGTCTTGGCAGGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTAACACCAATGC 4260
QY 4261 CAACATACTGAGATTCATTAATACGATGAAGCACTATCCCTTTGATGGAATAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATACTGAGATTCATTAATACGATGAAGCACTATCCCTTTGATGGAATAAAGAT 4320
QY 4321 TAAGGAGGAAATCTGAAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACA 4380
Db 4321 TAAGGAGGAAATCTGAAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACA 4380
QY 4381 TGAATGAGTGTGCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGAAATACAGCTGTCTCTTAATTAAGGG 4440
Db 4381 TGAATGAGTGTGCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGAAATACAGCTGTCTCTTAATTAAGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTTGCCATGATGCTTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTTGCCATGATGCTTTGTG 4500
QY 4501 TACAGGGTACACTGATGCTTTGATTCGTGTATGATGACGCTCATATGATGAAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGATGCTTTGATTCGTGTATGATGACGCTCATATGATGAAGGAC 4560
QY 4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTACCTTACCTTACCTGATGATGATGATGATGATGATG 4620
Db 4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTACCTTACCTTACCTGATGATGATGATGATGATGATG 4620
QY 4621 AATGTTAAAGCCAGGCTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGACTGGCATATATCTACTA 4680
Db 4621 AATGTTAAAGCCAGGCTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGACTGGCATATATCTACTA 4680
QY 4681 TGTAGACGGAGTTGTATCCCTTGGGATGTTCTGATGCAACATTTGTGAAGCCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGTTGTATCCCTTGGGATGTTCTGATGCAACATTTGTGAAGCCTT 4740
QY 4741 CGACGACCAAGGCACTGATGTTGTGATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC 4800
Db 4741 CGACGACCAAGGCACTGATGTTGTGATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC 4800
QY 4801 CTATGCAACCACTGGGTTACTCGGATGAGGCAATTTGACGATGGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCAACCACTGGGTTACTCGGATGAGGCAATTTGACGATGGGCTGATCT 4860
QY 4861 CTTTCTATGATGACCCCGAACCCTTATTTGCAATATGCAAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGATGACCCCGAACCCTTATTTGCAATATGCAAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGACTGACGCCCACTAACAATGTCATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
Db 4921 TTATGTTTGTGACTGACGCCCACTAACAATGTCATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
QY 4981 CAATGACGACCAACGATGAGGAGCCCGCTTGGGAAAAAACCCTTGTGGGTTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGACGACCAACGATGAGGAGCCCGCTTGGGAAAAAACCCTTGTGGGTTCTGTG 5040
QY 5041 GCGCTTGAAGGGGCTGACGCTGTCTGTGGCCAGACCCGAGAGTGACCAATACCA 5100
Db 5041 GCGCTTGAAGGGGCTGACGCTGTCTGTGGCCAGACCCGAGAGTGACCAATACCA 5100
QY 5101 AATGTGCTTACGAAATCAATATCTTGGGACAGCGCACTCGCTGTGGCTTGGAGT 5160
Db 5101 AATGTGCTTACGAAATCAATATCTTGGGACAGCGCACTCGCTGTGGCTTGGAGT 5160
QY 5161 GGTATGAGCTTATCTACCAATGACATTTTGGGCACTTGTGTGGCTTGGAGT 5220
Db 5161 GGTATGAGCTTATCTACCAATGACATTTTGGGCACTTGTGTGGCTTGGAGT 5220
QY 5221 TATTGATCACTGCTTACCGGTGCTACTGTGCCCCAGTGTGACGAAAGAAATGTG 5280
Db 5221 TATTGATCACTGCTTACCGGTGCTACTGTGCCCCAGTGTGACGAAAGAAATGTG 5280
QY 5281 GGAAGAGTGTGATCATTCATTCCTTGGAGGCACTGGTGTGCAATTCGTAAGCTGAA 5340
Db 5281 GGAAGAGTGTGATCATTCATTCCTTGGAGGCACTGGTGTGCAATTCGTAAGCTGAA 5340
QY 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCTCTTCAATTTGAAACCGCCCTTGAATAAATCTTAAC 5400
Db 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCTCTTCAATTTGAAACCGCCCTTGAATAAATCTTAAC 5400
QY 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACATCAATCTTGTCTATCATATGATGATGATGATGATGATG 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACATCAATCTTGTCTATCATATGATGATGATGATGATGATG 5460
QY 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGATCATGCGTGTGCTTCAATGCGGGTATTAATAC 5520
Db 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGATCATGCGTGTGCTTCAATGCGGGTATTAATAC 5520
QY 5521 CCACTACTCTCAAGATCAAAATGTTCTGTCAATTTTGAAGCGCAATTTGCTCCA 5580
Db 5521 CCACTACTCTCAAGATCAAAATGTTCTGTCAATTTTGAAGCGCAATTTGCTCCA 5580
QY 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGGCTTATGATGAGCGGGGCTGCGGAACTGCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGGCTTATGATGAGCGGGGCTGCGGAACTGCT 5640
QY 5641 TGTGATCAATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCGCTC 5700
Db 5641 TGTGATCAATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCGCTC 5700
QY 5701 ATCCACTGCTTGTGATCAATTTAAATGCTGATGAGTGGGCCCACTATGATGATGATG 5760
Db 5701 ATCCACTGCTTGTGATCAATTTAAATGCTGATGAGTGGGCCCACTATGATGATGATG 5760
QY 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
Db 5761 TGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
```

Db	5761	TCCTGCTTTAGCTACTACCTCCGGCTTCATCCGGCCGACAGAACTGTGGCGCTTGTCAAC	5820
Qy	5821	TTGTGCAATGTTTGGCTTTGACAACAAGCAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Db	5821	TTGTGCAATGTTTGGCTTTGACAACAAGCAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Qy	5881	TATGCTTGCTAGAGCAACAACCTGATGTAAATGAGTACTTTATTTGCACTCGTGACATCCG	5940
Db	5881	TATGCTTGCTAGAGCAACAACCTGATGTAAATGAGTACTTTATTTGCACTCGTGACATCCG	5940
Qy	5941	CAGAGAATPACTGGGCAATTCTGGAGGGGACTTAACCCCGGAGGTGCATATACAGCTGCAT	6000
Db	5941	CAGAGAATPACTGGGCAATTCTGGAGGGGACTTAACCCCGGAGGTGCATATACAGCTGCAT	6000
Qy	6001	CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATATYGGGCGCTCATTTGCTTGGGGCTTAGAGAT	6060
Db	6001	CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATATYGGGCGCTCATTTGCTTGGGGCTTAGAGAT	6060
Qy	6061	TTGGCAGTATGTGTCAAAATTTCTTGTGTATTTGCTTAAATGCTCTTAAAGCTGAGTTC	6120
Db	6061	TTGGCAGTATGTGTCAAAATTTCTTGTGTATTTGCTTAAATGCTCTTAAAGCTGAGTTC	6120
Qy	6121	GAGCATGCTTAAACATCCCTGGGTGCTTTCTACAGCTGCCAAGAGGGGTCAAGGGCGCC	6180
Db	6121	GAGCATGCTTAAACATCCCTGGGTGCTTTCTACAGCTGCCAAGAGGGGTCAAGGGCGCC	6180
Qy	6121	GAGCATGCTTAAACATCCCTGGGTGCTTTCTACAGCTGCCAAGAGGGGTCAAGGGCGCC	6180
Db	6121	GAGCATGCTTAAACATCCCTGGGTGCTTTCTACAGCTGCCAAGAGGGGTCAAGGGCGCC	6180
Qy	6181	CTGAGATTGGATCAGGATATGCTCCAAAGCAGCTGCTCATGCGGTGCTGAACATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGAGATTGGATCAGGATATGCTCCAAAGCAGCTGCTCATGCGGTGCTGAACATCTTTTC	6240
Qy	6241	TGTTGAGATGGTTTGTGCAAACTTTACAAAGAACCCAGAACTTGTCAAAATTACTGGAG	6300
Db	6241	TGTTGAGATGGTTTGTGCAAACTTTACAAAGAACCCAGAACTTGTCAAAATTACTGGAG	6300
Qy	6301	AGGGGCTGTTCCAGTCAACCGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCCGCAACTGATTG	6360
Db	6301	AGGGGCTGTTCCAGTCAACCGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCCGCAACTGATTG	6360
Qy	6361	GACTAGTCTTGTGCGTCAATTTATGGGGTTAGGGACCTACGTAAATATGAGAAATGGGAGA	6420
Db	6361	GACTAGTCTTGTGCGTCAATTTATGGGGTTAGGGACCTACGTAAATATGAGAAATGGGAGA	6420
Qy	6421	TCACATTTTGTTCAGCAGATATCCTCTCAAAATGTCTGTTTCAACCGAGTGCCCCAAC	6480
Db	6421	TCACATTTTGTTCAGCAGATATCCTCTCAAAATGTCTGTTTCAACCGAGTGCCCCAAC	6480
Qy	6481	CTTGAGAGCTGCAGTGGCCGTGTGAACGGGTACAGGTTAAGTGTATCTAAGGTGAGCCCAA	6540
Db	6481	CTTGAGAGCTGCAGTGGCCGTGTGAACGGGTACAGGTTAAGTGTATCTAAGGTGAGCCCAA	6540
Qy	6541	AACCTCCTTGAACGATCTGCTGTGCTGTTAAGGCTCTGACGGTAAAGGTTAAACCTGTAA	6600
Db	6541	AACCTCCTTGAACGATCTGCTGTGCTGTTAAGGCTCTGACGGTAAAGGTTAAACCTGTAA	6600
Qy	6601	GCTTCCCTTCCGCGTGTGAACGCTGCACACACTGTGTGTGCGATGCAACTTAAATTTGCCGTA	6660
Db	6601	GCTTCCCTTCCGCGTGTGAACGCTGCACACACTGTGTGTGCGATGCAACTTAAATTTGCCGTA	6660
Qy	6661	TGCACTTGAACAAATGACTGTAAATTCATTAACAACACTCCTATGTATGAAAGCGCAGT	6720
Db	6661	TGCACTTGAACAAATGACTGTAAATTCATTAACAACACTCCTATGTATGAAAGCGCAGT	6720
Qy	6721	GTCGCGCTCTGTTTCAACAGGAATGGGGGTCAACCAACTGCTTGAAGGCAATTTTC	6780
Db	6721	GTCGCGCTCTGTTTCAACAGGAATGGGGGTCAACCAACTGCTTGAAGGCAATTTTC	6780
Qy	6781	AGCTGGCGTTGACACCAACCACTGCCAGCCCCCTCAATCGAAGAAGTATGTATGAAGAA	6840
Db	6781	AGCTGGCGTTGACACCAACCACTGCCAGCCCCCTCAATCGAAGAAGTATGTATGAAGAA	6840
Qy	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGACTGTGTTGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCTCC	6900
Db	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGACTGTGTTGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCTCC	6900

QY	6901	AGAGGTGCATGTCTCTGAAAGCCCTGCAACGAAGTACCCGTTAAGAGTCTTCTAAACCT	6960
Db	6901	AGGAGGTGCATGTCTCTAAGAGCCCTGCAACGAAGTACCCGTTAAGAGTCTTCTAAACCT	6960
QY	6961	CCCTCTTCAACCACTGTCTTCAAGTTGGCCATCCGATGCCCTGTCTGGAGCGAGGTGA	7020
Db	6961	CCCTCTTCAACCACTGTCTTCAAGTTGGCCATCCGATGCCCTGTCTGGAGCGAGGTGA	7020
QY	7021	GTGTACCCCTTTCACCTGCATTTGAGTGTGCATGACCGAAACGAGCGAGGCCCTGATGA	7080
Db	7021	GTGTACCCCTTTCACCTGCATTTGAGTGTGCATGACCGAAACGAGCGAGGCCCTGATGA	7080
QY	7081	TTTAAACCAAGTAAACCTCCCAAAAAGAGAGTCTCGAATGGTCAGACGAAAGTTGGTGAC	7140
Db	7081	TTTAAACCAAGTAAACCTCCCAAAAAGAGAGTCTCGAATGGTCAGACGAAAGTTGGTGAC	7140
QY	7141	GGCTACCAACCGTTTTCACGACTACGTTACTGTGGCCCCCGTACCTTAAGATACGGGGAAGGA	7200
Db	7141	GACATACCAACCGCTTTCACGACTACGTTACTGTGGCCCCCGTACCTTAAGATACGGGGAAGGA	7200
QY	7201	TTTCACTCAGTCAAGCCCCCGCAAAACGGGCTTACAAAAGAAAGTTGGGAAAGATGAGTT	7260
Db	7201	TTTCACTCAGTCAAGCCCCCGCAAAACGGGCTTACAAAAGAAAGTTGGGAAAGATGAGTT	7260
QY	7261	TTTCGAGCAGTGAAGCTACACCTGGAACGAGATGATTAGCTTCAAACTGCTTCTTAAGT	7320
Db	7261	TTTCGAGCAGTGAAGCTACACCTGGAACGAGATGATTAGCTTCAAACTGCTTCTTAAGT	7320
QY	7321	TCTGTCTTGCAACTCGGGCCATCACTAGTGTGTTCTCTAACAACAAAGATCATTTGTGTATGT	7380
Db	7321	TCTGTCTTGCAACTCGGGCCATCACTAGTGTGTTCTCTAACAACAAAGATCATTTGTGTATGT	7380
QY	7381	GACTGAGCGCGGGATGGAGGCTTAAAGAAACAAAGATCATTTAATGACAACTCT	7440
Db	7381	GACTGAGCGCGGGATGGAGGCTTAAAGAAACAAAGATCATTTAATGACAACTCT	7440
QY	7441	GTTCCCCCATCATACCAACGAAGTGAAGTTGGCTAAGGAAACGTTCAAAAGTTGT	7500
Db	7441	GTTCCCCCATCATACCAACGAAGTGAAGTTGGCTAAGGAAACGTTCAAAAGTTGT	7500
QY	7501	CGGTGTCAATGTGGGACATATGATGAAGTACGCTCAACCGCCCTTAAGTGTGCTAAGTC	7560
Db	7501	CGGTGTCAATGTGGGACATATGATGAAGTACGCTCAACCGCCCTTAAGTGTGCTAAGTC	7560
QY	7561	CCACATCACTGGCCTTGGGGCACTGAATGTTCTGTCTGAGACACCCGCAAGGCTGTTCT	7620
Db	7561	CCACATCACTGGCCTTGGGGCACTGAATGTTCTGTCTGAGACACCCGCAAGGCTGTTCT	7620
QY	7621	GGACTTGCAGAAGTGTGTGAGGCAAGGTGAGATACCGAGTCAATATGGGCAAACTGTGAT	7680
Db	7621	GGACTTGCAGAAGTGTGTGAGGCAAGGTGAGATACCGAGTCAATATGGGCAAACTGTGAT	7680
QY	7681	AGTTCCAAAGGAGAGGTCTGTGAGAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
Db	7681	AGTTCCAAAGGAGAGGTCTGTGAGAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
QY	7741	GCTTATCTCGTACCCCACTTTGAATGAGATGTTTGAGAGATGTATCTACGGTCAAGT	7800
Db	7741	GCTTATCTCGTACCCCACTTTGAATGAGATGTTTGAGAGATGTATCTACGGTCAAGT	7800
QY	7801	TGCTCTTGAAGTAAAGCTGTTCATGAGAGATGCGTACGGGTTTGTGAATTCACGATAC	7860
Db	7801	TGCTCTTGAAGTAAAGCTGTTCATGAGAGATGCGTACGGGTTTGTGAATTCACGATAC	7860
QY	7861	CCGNTCAAGGGTCTGTGTGCATGTGGTCAACCCGATGCACTCGAGCCACATCGATAC	7920
Db	7861	CCGNTCAAGGGTCTGTGTGCATGTGGTCAACCCGATGCACTCGAGCCACATCGATAC	7920
QY	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGCTGAGACACAGATCTACTC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGCTGAGACACAGATCTACTC	7980

QY 7981 AGACGCTAACTAGTACCAACCGAGCTGCAATTCACACATTTGGAGGAGCTTATA 8040
 Db 7981 AGACGCTAACTAGTACCAACCGAGCTGCAATTCACACATTTGGAGGAGCTTATA 8040
 QY 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGGCCGAGAGATCGGATATGTTAGTGTAGTGC 8100
 Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGGCCGAGAGATCGGATATGTTAGTGTAGTGC 8100
 QY 8101 TTCCGCGCTCTATCTACTCAAGTTCACAGTTTGACTGCTGCTGAGAGTAAATGC 8160
 Db 8101 TTCCGCGCTCTATCTACTCAAGTTCACAGTTTGACTGCTGCTGAGAGTAAATGC 8160
 QY 8161 TGCAGCCGACAGCTGGCATGAGAAACCTCGCTCTTATTTGGCGGATGATGCAC 8220
 Db 8161 TGCAGCCGACAGCTGGCATGAGAAACCTCGCTCTTATTTGGCGGATGATGCAC 8220
 QY 8221 CGTAAATTTGAGAGCCCGGAGAGATGAGACAAACAGCATTTGGTGTCTTTGCTAG 8280
 Db 8221 CGTAAATTTGAGAGCCCGGAGAGATGAGACAAACAGCATTTGGTGTCTTTGCTAG 8280
 QY 8281 CTGATGAGAGTATGGGTGACCAACAGATTTGTGCTCAACCCAAATCAGTTTGA 8340
 Db 8281 CTGATGAGAGTATGGGTGACCAACAGATTTGTGCTCAACCCAAATCAGTTTGA 8340
 QY 8341 AGAATTAACATCATGCTCATCAATGTATCCTCTGGAATTAACAAAAGTGCAAGCCTTA 8400
 Db 8341 AGAATTAACATCATGCTCATCAATGTATCCTCTGGAATTAACAAAAGTGCAAGCCTTA 8400
 QY 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCGTATCCCTTGGAGAGGTCTGCGAGGCTGCGG 8460
 Db 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCGTATCCCTTGGAGAGGTCTGCGAGGCTGCGG 8460
 QY 8461 ATACAAACCCAGTCTGCTGATGAGATTTGGGATCTAATACATCATCAACCATTTGTGGT 8520
 Db 8461 ATACAAACCCAGTCTGCTGATGAGATTTGGGATCTAATACATCATCAACCATTTGTGGT 8520
 QY 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCAATTTCAATGAGACAGATCTCTTTGAGAACAACTTCCGA 8580
 Db 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTGTCAATTTCAATGAGACAGATCTCTTTGAGAACAACTTCCGA 8580
 QY 8581 GACGCTGACCTTTGACTGTGATGGGAAAATTAATACGCTGCTTAAGATCTGCCAG 8640
 Db 8581 GACGCTGACCTTTGACTGTGATGGGAAAATTAATACGCTGCTTAAGATCTGCCAG 8640
 QY 8641 CATATGCTGATGATGACGCTATGAGGCTTTCTCGATGATGCTTGAAGACAACTTCCGA 8700
 Db 8641 CATATGCTGATGATGACGCTATGAGGCTTTCTCGATGATGCTTGAAGACAACTTCCGA 8700
 QY 8701 GATCCTCAGATTTCCCAATCACTAAGACATGACCATGCCCCCTGGAGGCTTGGC 8760
 Db 8701 GATCCTCAGATTTCCCAATCACTAAGACATGACCATGCCCCCTGGAGGCTTGGC 8760
 QY 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCAGCGCCAGAGGCGTGCGAGACACCGCAAAAT 8820
 Db 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCAGCGCCAGAGGCGTGCGAGACACCGCAAAAT 8820
 QY 8821 GAGCTGCTCTCTCTGAGATGCTACATGACCTTACCAAGATTTGGATTAAGAGAG 8880
 Db 8821 GAGCTGCTCTCTCTGAGATGCTACATGACCTTACCAAGATTTGGATTAAGAGAG 8880
 QY 8881 CGTGGCTCGGTACCACTTCAATTAATGATGATTTTACCTCCCGAGGCGGATGTGT 8940
 Db 8881 CGTGGCTCGGTACCACTTCAATTAATGATGATTTTACCTCCCGAGGCGGATGTGT 8940
 QY 8941 TATTACACACAGAGAAATTTGCAAGATTTCTTGAAGATTTGGCTGTCAATGTTTT 9000
 Db 8941 TATTACACACAGAGAAATTTGCAAGATTTCTTGAAGATTTGGCTGTCAATGTTTT 9000
 QY 9001 TGCCCTAGGGCTCATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
 Db 9001 TGCCCTAGGGCTCATGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
 QY 9061 CTACAG-----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGCGAGCGCAAGGGAGAGACCC 9116

Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCGGCAAGGGAGAGACCC 9120
 QY 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133
 Db 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137
 RESULT 11
 AR310129
 LOCUS AR310129 9143 bp DNA linear PAT 12-JUN-2003
 DEFINITION Sequence 393 from patent US 6558898.
 ACCESSION AR310129
 VERSION AR310129.1 GI:31702407
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Unknown.
 Unclassified.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 9143)
 AUTHORS
 Simons,J.N., Pilot-Matias,T.J., Dawson,G.J., Schlauder,G.G.,
 Desai,S.M., Leary,T.P., Muerhoff,A.S., Erker,J.C., Buljk,S.L. and
 Mushawar,I.K.
 TITLE
 Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E hepatitis reagents and methods
 for their use
 JOURNAL
 Patent: US 6558898-A 393 06-MAY-2003;
 Abbot Laboratories; Abbot Park, IL
 FEATURES
 location/Qualifiers
 1..9143
 source
 /organism="unknown"
 /mol_type="genomic DNA"
 ORIGIN
 Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
 Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
 Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
 QY 1 ACCAACAACAATCAGTTTGTATACATCCGCTAGATGCTCTGAGACCCCGCTAG 60
 Db 1 ACCAACAACAATCAGTTTGTATACATCCGCTAGATGCTCTGAGACCCCGCTAG 60
 QY 61 CAGGGCGTGGGGATTTCCCTGCTGTCAGAAAGGTGAGCCAAACCTTAGTAT 120
 Db 61 CAGGGCGTGGGGATTTCCCTGCTGTCAGAAAGGTGAGCCAAACCTTAGTAT 120
 QY 121 GTAGGGGGGGGACTAGACGCTCGCTGATGACAAAGCCCAAGCTTGTAGATGCG 180
 Db 121 GTAGGGGGGGGACTAGACGCTCGCTGATGACAAAGCCCAAGCTTGTAGATGCG 180
 QY 181 CTGATGGGCGTTCAATGAGTTCGGTGGTGGCGCTTTAGGAGCCTCCAGCCCA 240
 Db 181 CTGATGGGCGTTCAATGAGTTCGGTGGTGGCGCTTTAGGAGCCTCCAGCCCA 240
 QY 241 CTTCCAGATGAGCGGCGGCACTGTAGGAGACCGGGACCGGTCACTAACAGAGC 300
 Db 241 CTTCCAGATGAGCGGCGGCACTGTAGGAGACCGGGACCGGTCACTAACAGAGC 300
 QY 301 CAGACCTTTTGAAGATACGCTCCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
 Db 301 CAGACCTTTTGAAGATACGCTCCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
 QY 361 TGGGATGGTGGGTTAGCATCATACCTGCTGATGAGGCTTTCGAGGGGAT 420
 Db 361 TGGGATGGTGGGTTAGCATCATACCTGCTGATGAGGCTTTCGAGGGGAT 420
 QY 421 CTGGAGTCTGTAACCGTAGCAATGCTGTATTTTACTTCAACAAAGTCTGTACC 480
 Db 421 CTGGAGTCTGTAACCGTAGCAATGCTGTATTTTACTTCAACAAAGTCTGTACC 480
 QY 481 TGGGCCCAAGACCGGCAAGAAAGAGAGACGAGGCTTCAATATCTGTGCAATTAAC 540
 Db 481 TGGGCCCAAGACCGGCAAGAAAGAGAGAGGCTTCAATATCTGTGCAATTAAC 540
 QY 541 ATCTGTTAAAGGGGACCAAGCAAGAGCAAAAGTCCAGCGGATGCTGGCTGTAA 600


```
Oy 2761 TTGGCAAGTGGAGAAATGGTTTGGACGTTACACTAAGACCGAGAGGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTGGAGAAATGGTTTGGACGTTACACTAAGACCGAGAGGTTTTCCT 2820
Oy 2821 TGTGCTGCTTGTGTTTCCCGGTGGACATATAGACCGCTGGTGACTTTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGCTTGTGTTTCCCGGTGGACATATAGACCGCTGGTGACTTTGTGTGTCA 2880
Oy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTATCATCATCGAGCAGCATCGTTTGGGACTGCTCTAGGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTATCATCATCGAGCAGCATCGTTTGGGACTGCTCTAGGGT 2940
Oy 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGCGCTCGGAAAGTGCATGCTTGTATTCATTAATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGCGCTCGGAAAGTGCATGCTTGTATTCATTAATGT 3000
Oy 3001 TCTTAAAGTTTCTCTTAAAGTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3060
Db 3001 TCTTAAAGTTTCTCTTAAAGTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3060
Oy 3061 TGTGATGCTTGTGCTAATGATTTTGCCTGGAACTACCATTTGAGAGCCATTTTCCC 3120
Db 3061 TGTGATGCTTGTGCTAATGATTTTGCCTGGAACTACCATTTGAGAGCCATTTTCCC 3120
Oy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGGAATGAAGAAAGCCTTGGCGTGGGACAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGGAATGAAGAAAGCCTTGGCGTGGGACAC 3180
Oy 3181 GGTGATGCTTGTGCTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3240
Db 3181 GGTGATGCTTGTGCTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3240
Oy 3241 GCGCGCATGAGGAGGCGCATTAACGCACTTTACGTCGAGTGTCTCTGAAAGCTGG 3300
Db 3241 GCGCGCATGAGGAGGCGCATTAACGCACTTTACGTCGAGTGTCTCTGAAAGCTGG 3300
Oy 3301 CACGCTGCAAGCAGTGGCAGTGTCTATAGTGTATAGACCCCGGAACTTGGATGAGAC 3360
Db 3301 CACGCTGCAAGCAGTGGCAGTGTCTATAGTGTATAGACCCCGGAACTTGGATGAGAC 3360
Oy 3361 TATCTTCAAGATTAGGATCTCTGCGCATGACTACATGGAATTTGTTGTGCAACGTGTT 3420
Db 3361 TATCTTCAAGATTAGGATCTCTGCGCATGACTACATGGAATTTGTTGTGCAACGTGTT 3420
Oy 3421 GTATAGTCTACCATGAGCAGAGGCGCGGTTGGCTCATCCCAAGGCTCTATACA 3480
Db 3421 GTATAGTCTACCATGAGCAGAGGCGCGGTTGGCTCATCCCAAGGCTCTATACA 3480
Oy 3481 CCCAATAACCGTTGACCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACCACTATGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATAACCGTTGACCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACCACTATGAGCTGG 3540
Oy 3541 GTCCCTTACTGCTGCTTGTGCGGGAGAACCAAGGAGTATCTGTGTAACACGCTGGGTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTGCTGCTTGTGCGGGAGAACCAAGGAGTATCTGTGTAACACGCTGGGTC 3600
Oy 3601 ATTGCTTGAAGTGAACAAATCCGATGAACCTTATTTGTTGTGTGCGGGGCTCTCCAT 3660
Db 3601 ATTGCTTGAAGTGAACAAATCCGATGAACCTTATTTGTTGTGTGCGGGGCTCTCCAT 3660
Oy 3661 GGTGCTTGGCAAGGCTTCTTCAAGGTGCGGCACTTGTGCTCTCGGGGATGTATTTGG 3720
Db 3661 GGTGCTTGGCAAGGCTTCTTCAAGGTGCGGCACTTGTGCTCTCGGGGATGTATTTGG 3720
Oy 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGCGGTTCAAGTCAAGTATGAGGTTAGCGGTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGCGGTTCAAGTCAAGTATGAGGTTAGCGGTT 3780
Oy 3781 GGTGTGTGCTGATACCATCCCGATACAGCAGCATGCACTTTGATACAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGCTGATACCATCCCGATACAGCAGCATGCACTTTGATACAAACCTTAC 3840
```

```
Oy 3841 TGTGCTTACGAGTATTCAGTGCAAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTACGAGTATTCAGTGCAAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Oy 3901 CAAATTAACCTTTCTTACATGACAGGAAAGTATGAGTCTTGGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCTTTCTTACATGACAGGAAAGTATGAGTCTTGGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Oy 3961 GGTCAACAAGCATCAATGCGAAAGTACATGACAGGACGTAAGGCGGAAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGTCAACAAGCATCAATGCGAAAGTACATGACAGGACGTAAGGCGGAAATCCAAATTTG 4020
Oy 4021 CTATTTTAAATGGAATGATACCAACAGGAGGCTTCACTTACATGACAGCATATGAGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGGAATGATACCAACAGGAGGCTTCACTTACATGACAGCATATGAGCAT 4080
Oy 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCCGGAACTATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCGATGC 4140
Db 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCCGGAACTATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCGATGC 4140
Oy 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGGGCAATTTGGAAGGTCCTAACCGAAGCTCCATCAAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGGGCAATTTGGAAGGTCCTAACCGAAGCTCCATCAAAAA 4200
Oy 4201 TGTGAGCTAGTGTCTTCCACAGGCTACCCCTCGAGTAATCCCTACACCAATGC 4260
Db 4201 TGTGAGCTAGTGTCTTCCACAGGCTACCCCTCGAGTAATCCCTACACCAATGC 4260
Oy 4261 CAACATTACTGAGATTCAATTAACCGATGAAGGACATATCCCTTCAATGAGAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATTACTGAGATTCAATTAACCGATGAAGGACATATCCCTTCAATGAGAAAGAT 4320
Oy 4321 TAAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG 4380
Oy 4381 TGATGAGCTTGTCTAACGATTTAGCTCGAAAGGGAATTAACAGTGTCTCTTACTATAGGGG 4440
Db 4381 TGATGAGCTTGTCTAACGATTTAGCTCGAAAGGGAATTAACAGTGTCTCTTACTATAGGGG 4440
Oy 4441 ATGTGATCTTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGTATGTTGCACTGATGCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGATCTTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGTATGTTGCACTGATGCTTGTG 4500
Oy 4501 TACAGGGTACACGAGTGAATTCGATTCGATGATGATGAGCTCATGTGTAAGAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACGAGTGAATTCGATTCGATGATGATGAGCTCATGTGTAAGAGGAC 4560
Oy 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACTTCAACCATGAGTGTGTTGTTGTCGGGCTTACG 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACTTCAACCATGAGTGTGTTGTTGTCGGGCTTACG 4620
Oy 4621 AATAGTTAAAGGCGAGGTAAGGAGGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGATATCTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCGAGGTAAGGAGGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGATATCTACTA 4680
Oy 4681 TGTAGACGGAGTGTGAATCCCTTCGGGTATGTTTCCGTAATGCAATTTGTGAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGTGTGAATCCCTTCGGGTATGTTTCCGTAATGCAATTTGTGAAGCTT 4740
Oy 4741 CGACGAGCCCAAGGCAATGATGATGTTGTGATCAACAGAACTCAATTTCTGACAC 4800
Db 4741 CGACGAGCCCAAGGCAATGATGATGTTGTGATCAACAGAACTCAATTTCTGACAC 4800
Oy 4801 CTATCGACCCCAACTTGGGTTACTTGGATGAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATCGACCCCAACTTGGGTTACTTGGATGAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860
Oy 4861 CTTTCTATGATGTAACCCGAACTTCAATTTGCAATACGCAAAAAAGAACTGTCGAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGATGTAACCCGAACTTCAATTTGCAATACGCAAAAAAGAACTGTCGAA 4920
Oy 4921 TTAATGTTTGTGACTGACGCCAATCAATGTTGATCAATGATGCTATGCTGCTCC 4980
```

Db	4921	TTATGTTTGTGACTGACGCCCACTACAACTGTGTATCATAGTATGACTATGTGCTTCC	4980
Qy	4981	CAATGACGCAACAGGTGGCAGAGGAGCCGGCTTTGGGAAAAAACTTTGGGGGTTCTGTG	5040
Db	4981	CAATGACGCAACAGGTGGCAGAGGAGCCGGCTTTGGGAAAAAACTTTGGGGGTTCTGTG	5040
Qy	5041	GCCTGTGACGGCGCTGACGCTGTCTCTGCGCCAGAGCCGACGAGGTGACAGATACCA	5100
Db	5041	GCCTGTGACGGCGCTGACGCTGTCTCTGCGCCAGAGCCGACGAGGTGACAGATACCA	5100
Qy	5101	AATGTGCTTCACTGAAGTCAATPACTTCTTGGGACAGCGGCACTCGCTGTGGCGTTGGAGT	5160
Db	5101	AATGTGCTTCACTGAAGTCAATPACTTCTTGGGACAGCGGCACTCGCTGTGGCGTTGGAGT	5160
Qy	5161	GGCTATGGCTTATCTAGGCAATTGACACTTTTGGGGCACTTGTGTGGGGGCTGTGCTGTC	5220
Db	5161	GGCTATGGCTTATCTAGGCAATTGACACTTTTGGGGCACTTGTGTGGGGGCTGTGCTGTC	5220
Qy	5221	TATTGCACTCAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGCCCCAGTGGTTGACGAGAAGAAATCGT	5280
Db	5221	TATTGCACTCAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGCCCCAGTGGTTGACGAGAAGAAATCGT	5280
Qy	5281	GGAGGAGTGTGCATCATTTCCCTTGGAGGCCATGGTTGCTGCAATCGATAAGCTGAA	5340
Db	5281	GGAGGAGTGTGCATCATTTCCCTTGGAGGCCATGGTTGCTGCAATCGATAAGCTGAA	5340
Qy	5341	GAGTACATCAACCAACTAGTCCCTTTCACATTGGAAAACCGGCCCTTAAAAAAGTTAACAC	5400
Db	5341	GAGTACATCAACCAACTAGTCCCTTTCACATTGGAAAACCGGCCCTTAAAAAAGTTAACAC	5400
Qy	5401	CTTTCCTTGGGCTCATGAGGCTACACATCCCTGTATCATAGAGTATTCCTGTGGTTAGT	5460
Db	5401	CTTTCCTTGGGCTCATGAGGCTACACATCCCTGTATCATAGAGTATTCCTGTGGTTAGT	5460
Qy	5461	CACTTTACCTGACCAATCCCTTTGCATCATGCGTGTGCTTTCATTTGGGGTATTAATCAC	5520
Db	5461	CACTTTACCTGACCAATCCCTTTGCATCATGCGTGTGCTTTCATTTGGGGTATTAATCAC	5520
Qy	5521	CCCACTACTCACAAGATCAAAAGTTCCTGTCATTAATTGGAGGCGCAATTTGGGTCGAA	5580
Db	5521	CCCACTACTCACAAGATCAAAAGTTCCTGTCATTAATTGGAGGCGCAATTTGGGTCGCA	5580
Qy	5581	GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTGATGATGGCCGGGCGTGGGAAACAGCTCT	5640
Db	5581	GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTGATGATGGCCGGGCGTGGGAAACAGCTCT	5640
Qy	5641	TGTATCATGACATCGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAGGCGGCTATGTCTGCGGCTC	5700
Db	5641	TGTATCATGACATCGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAGGCGGCTATGTCTGCGGCTC	5700
Qy	5701	ATCCACTGCTGCTTGAATTTAAATGCTTGAATGGGTGATGGGCCCACTATGATACAGCT	5760
Db	5701	ATCCACTGCTGCTTGAATTTAAATGCTTGAATGGGTGATGGGCCCACTATGATACAGCT	5760
Qy	5761	TGCTGCTTGAATCTACCTCGCGCTCAATCCGGCGCAGAGGTGTTGGGCGCTTGTGACG	5820
Db	5761	TGCTGCTTGAATCTACCTCGCGCTCAATCCGGCGCAGAGGTGTTGGGCGCTTGTGACG	5820
Qy	5821	TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAAACAGCGGCGCAATCATGCGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Db	5821	TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAAACAGCGGCGCAATCATGCGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Qy	5881	TATGCTTGTCTAGAGCAACACTGTATGTAAATGAGTAACTTATGTGCACTCTGTGACATCG	5940
Db	5881	TATGCTTGTCTAGAGCAACACTGTATGTAAATGAGTAACTTATGTGCACTCTGTGACATCG	5940
Qy	5941	CAGGAAGATACCTGGGCAATTTCTGAGAGCAATCAACCCCTGGAGTGCATATACAGCTTGAT	6000
Db	5941	CAGGAAGATACCTGGGCAATTTCTGAGAGCAATCAACCCCTGGAGTGCATATACAGCTTGAT	6000
Qy	6001	CCGTTGGCTCCACACCCGACGGAGATGATTTGCGGCTCATATGCTTGGGTTCTTGAAGAT	6060

Db	6001	CCGTTGGCTCACACCCCGACGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTAAGAT	6080
Qy	6061	TTGGCAGTATGTGTCGAATTTCTTTGATTTTGCTTTAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA	6120
Db	6061	TTGGCAGTATGTGTCGAATTTCTTTGATTTTGCTTTAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA	6120
Qy	6121	GAGCAGTGTTAACATTCCTGTGTGTCTTTCTTACAGCTGCCAGAGAGGGGTACAAGGCC	6180
Db	6121	GAGCAGTGTTAACATTCCTGTGTGTCTTTCTTACAGCTGCCAGAGAGGGGTACAAGGCC	6180
Qy	6181	CTGGAATTGSAATCAGATATGCTCCAGAGACGCTGTCAATGGGGTGTGAATCATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGGAATTGSAATCAGATATGCTCCAGAGACGCTGTCAATGGGGTGTGAATCATCTTTTC	6240
Qy	6241	TGTTGAGAATAGTATTTCGTAACAACTTTTACAAAGACCCAGAACTGTGTCAAAATTA	6300
Db	6241	TGTTGAGAATAGTATTTCGTAACAACTTTTACAAAGACCCAGAACTGTGTCAAAATTA	6300
Qy	6301	AGGGGCTGTTCAAGTCAACCGTAAAGCTGTGTGGGTCCGCTAAGACCCCACTGATTTG	6360
Db	6301	AGGGGCTGTTCAAGTCAACCGTAAAGCTGTGTGGGTCCGCTAAGACCCCACTGATTTG	6360
Qy	6361	GACTAGTCTGTGTGTCAATTAATGGCGTTAAGGAACTACTGTAAATATAGAAAATGGAGA	6420
Db	6361	GACTAGTCTGTGTGTCAATTAATGGCGTTAAGGAACTACTGTAAATATAGAAAATGGAGA	6420
Qy	6421	TCACATTTTGTGTACAGCAGATATCTCTCCAAATATGTCTGTTCACCCGAGTCCGCCAAC	6480
Db	6421	TCACATTTTGTGTACAGCAGATATCTCTCCAAATATGTCTGTTCACCCGAGTCCGCCAAC	6480
Qy	6481	CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGTGACGCGCGTACAGTTCAGTGTATCTAAGTGAAGCCAA	6540
Db	6481	CTTGAGAGCTGCACTGCGCTGTGACGCGCGTACAGTTCAGTGTATCTAAGTGAAGCCAA	6540
Qy	6541	AACCTCTTGGACGACATCTGCTGTCTGTACGGTCTCGAAGGTAAAGGTTAAACTGTTTAA	6600
Db	6541	AACCTCTTGGACGACATCTGCTGTCTGTACGGTCTCGAAGGTAAAGGTTAAACTGTTTAA	6600
Qy	6601	GCTTCCCTTCGCGCTTGAACGCTGCACACACTGTGTGTGCGATGACCTTAATTTTGCGTGA	6660
Db	6601	GCTTCCCTTCGCGCTTGAACGCTGCACACACTGTGTGTGCGATGACCTTAATTTTGCGTGA	6660
Qy	6661	TGCACTTGAGACAATATGACTGTAAATTCACAAACAACACTCTGTGTATGTAAGCCGACGT	6720
Db	6661	TGCACTTGAGACAATATGACTGTAAATTCACAAACAACACTCTGTGTATGTAAGCCGACGT	6720
Qy	6721	GTCGCGCTCTTTTTCACAAAGAGATGGCGCGTACAAACCAATGTCTTGAGGCAATTTTC	6780
Db	6721	GTCGCGCTCTTTTTCACAAAGAGATGGCGCGTACAAACCAATGTCTTGAGGCAATTTTC	6780
Qy	6781	AGCTGGCGTGTACACCAACCAATGCGACAGCCCTCTCATCGAAGAGTATGTATAGAAA	6840
Db	6781	AGCTGGCGTGTACACCAACCAATGCGACAGCCCTCTCATCGAAGAGTATGTATAGAAA	6840
Qy	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGTGTGCTTAACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCC	6900
Db	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGTGTGCTTAACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCC	6900
Qy	6901	AGGAGTGTCAATGTCTTGAAGCCCTGCAACGAAAGTGAACCCGTTAAAGTCTCTTAAACCT	6960
Db	6901	AGGAGTGTCAATGTCTTGAAGCCCTGCAACGAAAGTGAACCCGTTAAAGTCTCTTAAACCT	6960
Qy	6961	CCCTGCTTCAACACCTGTTTTCAAGTTGGCCATGTCCGATGTGCCCTGTGTGGAGAGGGGTGA	7020
Db	6961	CCCTGCTTCAACACCTGTTTTCAAGTTGGCCATGTCCGATGTGCCCTGTGTGGAGAGGGTGA	7020
Qy	7021	GTTGTAACCCCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACGAGCGAGGCTCTGATGA	7080
Db	7021	GTTGTAACCCCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACGAGCGAGGCTCTGATGA	7080
Qy	7081	TTTAAACCGATTAACTCTCCCAAAAAGAGGTCTGGAATGTGCACAGAACTTGGTGTGAC	7140
Db	7081	TTTAAACCGATTAACTCTCCCAAAAAGAGGTCTGGAATGTGCACAGAACTTGGTGTGAC	7140

QY 7141 GGTAAACCGCTTTCAGCTACGTTACTGGCCCCCGTACCCTTAAGATACGGGGAAAGGA 7200
DB 7141 GACTACAAACCGCTTCCAGCTACGTTACTGGCCCCCGTACCCTTAAGATACGGGGAAAGGA 7200
QY 7201 TTCCATCAGTACGAGCCCCCGCAAAACGGCTTCAAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGATT 7260
DB 7201 TTCCATCAGTACGAGCCCCCGCAAAACGGCTTCAAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGATT 7260
QY 7261 TTGGTGAAGCATGAGCTACACCTGGAACGAGTATAGCTTCAAAAATGCTTCAAAAGT 7320
DB 7261 TTGGTGAAGCATGAGCTACACCTGGAACGAGTATAGCTTCAAAAATGCTTCAAAAGT 7320
QY 7321 TCTGTCTGCAACTGGGGCCATCACTAGTGTCTTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
DB 7321 TCTGTCTGCAACTGGGGCCATCACTAGTGTCTTCAAAACAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
QY 7381 GACTGAGCCCGGGATGCGAGCTTAGAAAAAAGAGTCACTATTTATAGACACCTCT 7440
DB 7381 GACTGAGCCCGGGATGCGAGCTTAGAAAAAAGAGTCACTATTTATAGACACCTCT 7440
QY 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAAGTGGCTTAGGAAAAAGCTTCAAAAGTGT 7500
DB 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAAGTGGCTTAGGAAAAAGCTTCAAAAGTGT 7500
QY 7501 CGGTGATGTGGGACTATGATGAAGTAGAGCTCACACGCCCTCTAAGTCTGTAAAGTC 7560
DB 7501 CGGTGATGTGGGACTATGATGAAGTAGAGCTCACACGCCCTCTAAGTCTGTAAAGTC 7560
QY 7561 CCACATCATGAGCTTGGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGCAGCCCGCAAGGCTGTCT 7620
DB 7561 CCACATCATGAGCTTGGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGCAGCCCGCAAGGCTGTCT 7620
QY 7621 GGAATTCAGAAAGTGTCTGAGAGGAGTGAATCCAGTCACTTATGCGCAAACTGTGAT 7680
DB 7621 GGAATTCAGAAAGTGTCTGAGAGGAGTGAATCCAGTCACTTATGCGCAAACTGTGAT 7680
QY 7681 AGTTCCAAAGGAGGAGTCTTCTGAGAGCAGCCCGCAAAAGCAAAAGAAACCCCAAG 7740
DB 7681 AGTTCCAAAGGAGGAGTCTTCTGAGAGCAGCCCGCAAAAGCAAAAGAAACCCCAAG 7740
QY 7741 GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGAGTGTGTTGAGAAAGTGTACTACGTCAGT 7800
DB 7741 GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGAGTGTGTTGAGAAAGTGTACTACGTCAGT 7800
QY 7801 TGCTCCGAGCTGATTAAGTGTGATGAGAGATGCGGTGTTGTAAATCCAGTAC 7860
DB 7801 TGCTCCGAGCTGATTAAGTGTGATGAGAGATGCGGTGTTGTAAATCCAGTAC 7860
QY 7861 CCGGTCAAGGAGTGTGTTGATGAGTGTGATCAGCCGATGAGTGGAGCCACATGCGATAC 7920
DB 7861 CCGGTCAAGGAGTGTGTTGATGAGTGTGATCAGCCGATGAGTGGAGCCACATGCGATAC 7920
QY 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCACACCCGAGATATCATGTTGAGACAGACATCTATCTC 7980
DB 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCACACCCGAGATATCATGTTGAGACAGACATCTATCTC 7980
QY 7981 AGCAGCTTAACTCAGTACCAACACCGAGCTGGATTCACACCTTCCGAGGCAAGTATA 8040
DB 7981 AGCAGCTTAACTCAGTACCAACACCGAGCTGGATTCACACCTTCCGAGGCAAGTATA 8040
QY 8041 CGGTGAGGAGCCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGATGAGATATGAGTGTAGTGTG 8100
DB 8041 CGGTGAGGAGCCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGATGAGATATGAGTGTAGTGTG 8100
QY 8101 TTCCGCGCTATATCTATCTCAAGTTCACAGTTTACCTGCTGCTGAAGTAAATGC 8160
DB 8101 TTCCGCGCTATATCTATCTCAAGTTCACAGTTTACCTGCTGCTGAAGTAAATGC 8160
QY 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGCATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTTGGCGCATGATTCAC 8220
DB 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGCATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTTGGCGCATGATTCAC 8220

QY 8221 CGTAAATTTGGAAGACCGCGAGCAGATGACAGCAAAACAAAGATGCTGTCTTGTCTAG 8280
DB 8221 CGTAAATTTGGAAGACCGCGAGCAGATGACAGCAAAACAAAGATGCTGTCTTGTCTAG 8280
QY 8281 CTGAGTGAAGTATGAGTGTGACACCAAGATTTGTGTGCTTCAACCCAAATTCAGTTTGA 8340
DB 8281 CTGAGTGAAGTATGAGTGTGACACCAAGATTTGTGTGCTTCAACCCAAATTCAGTTTGA 8340
QY 8341 AGAATTTACATCATGCTCATCAATGTTTACCTCGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTA 8400
DB 8341 AGAATTTACATCATGCTCATCAATGTTTACCTCGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTA 8400
QY 8401 CTACTTTCTTCAAGAGATCTCGTATCCCTTGGCAGGATGCTCTCCGAGGCTTGGG 8460
DB 8401 CTACTTTCTTCAAGAGATCTCGTATCCCTTGGCAGGATGCTCTCCGAGGCTTGGG 8460
QY 8461 ATACAAACCCGAGTGTGCGTGTGATTTGGGATTTCTAATCATCATCAACCATTTTGTGGT 8520
DB 8461 ATACAAACCCGAGTGTGCGTGTGATTTGGGATTTCTAATCATCATCAACCATTTTGTGGT 8520
QY 8521 TAGCCGTGTGTGCTGTCCATTTCAATGAGCAGATGCTCTTTGAGGCAAACTTCCGA 8580
DB 8521 TAGCCGTGTGTGCTGTCCATTTCAATGAGCAGATGCTCTTTGAGGCAAACTTCCGA 8580
QY 8581 GACGCTGACCTTTGACTGTATGAGAAAAATTAACGCTGCTGTAGAAATCTGCCAG 8640
DB 8581 GACGCTGACCTTTGACTGTATGAGAAAAATTAACGCTGCTGTAGAAATCTGCCAG 8640
QY 8641 CATCATTTGCTGTGTGACCGTATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCTTACACCAACGCTGA 8700
DB 8641 CATCATTTGCTGTGTGACCGTATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCTTACACCAACGCTGA 8700
QY 8701 GATCTCAGAGTGTCCCAATCATCAACAGACATGACATGCCCCCTGGAGGCTGGCG 8760
DB 8701 GATCTCAGAGTGTCCCAATCATCAACAGACATGACATGCCCCCTGGAGGCTGGCG 8760
QY 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCCAGCGCCAGAGCGGTGCGGAGCAGACAGCAAAATT 8820
DB 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCCAGCGCCAGAGCGGTGCGGAGCAGACAGCAAAATT 8820
QY 8821 GGTCTGCTTCTTCTCTGCGATGCTATCTAAGCTCTTACAGATTTGATTAAGACGAG 8880
DB 8821 GGTCTGCTTCTTCTCTGCGATGCTATCTAAGCTCTTACAGATTTGATTAAGACGAG 8880
QY 8881 CGTGGCTCGGTACACACTTCAATTAATGAGATTTTACCCCGGAGGCGAGTGTGT 8940
DB 8881 CGTGGCTCGGTACACACTTCAATTAATGAGATTTTACCCCGGAGGCGAGTGTGT 8940
QY 8941 TATTACACACAGAGAAAGTTGAGAAATTTCTTGTGAAGTATTTGCTGATTTT 9000
DB 8941 TATTACACACAGAGAAAGTTGAGAAATTTCTTGTGAAGTATTTGCTGATTTT 9000
QY 9001 TGCCTTGAAGGCTCATGCTGTGTGATTAAGCATGAGTGAACCCCAATTTCAAAATTAA 9060
DB 9001 TGCCTTGAAGGCTCATGCTGTGTGATTAAGCATGAGTGAACCCCAATTTCAAAATTAA 9060
QY 9061 CTAAACAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGGCAACAGGGAGACCCC 9116
DB 9061 CTAAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGGCAACAGGGAGACCCC 9120
QY 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133
DB 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137

RESULT 12
AR350538 9143 bp DNA linear PAT 17-AUG-2003
LOCUS AR350538
DEFINITION Sequence 390 from patent US 6586568.
ACCESSION AR350538
VERSION AR350538.1 GI:3751681
KEYWORDS
SOURCE Unknown.

ORGANISM Unknown.
REFERENCE 1 (bases 1 to 9143)
AUTHORS Simons,J.N., Pilot-Matias,T.J., Dawson,G.J., Schlander,G.G.,
Desai,S.M., Leary,T.P., Muerhoff,A.S., Erker,J.C., Buljk,S.L. and
Mushawar,I.K.
TITLE Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E hepatitis reagents and methods
for their use
JOURNAL Patent: US 6586568-A 390 01-JUL-2003;
Abbott Laboratories; Abbott Park, IL
FEATURES
source 1..9143
/organism="unknown"
/mol_type="genomic DNA"
ORIGIN
Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
QY 1 ACCACAAACACTCCAGTTGTTTACACTCCGCTAGAGATCTCTGGAGACCCCTCTG 60
Db 1 ACCACAAACACTCCAGTTGTTTACACTCCGCTAGAGATCTCTGGAGACCCCTCTAG 60
QY 61 CAGGGCGTGGGGGATTTCCCTGCCGCTGCGAGAAAGGTGGAGGCCAACACCTTAGTAT 120
Db 61 CAGGGCGTGGGGGATTTCCCTGCCGCTGCGAGAAAGGTGGAGGCCAACACCTTAGTAT 120
QY 121 GTAGGCGGCGGAGCTCATGACGCTCGCTGATGACAAAGGCCAAGCTTGATGATGAC 180
Db 121 GTAGGCGGCGGAGCTCATGACGCTCGCTGATGACAAAGGCCAAGCTTGATGATGAC 180
QY 181 CCTGATGGCGCTTCATGCGTGGTGGTGGTGGCGCTTTAGAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
Db 181 CCTGATGGCGCTTCATGCGTGGTGGTGGTGGCGCTTTAGAGAGCTTCAAGCCCAACA 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGAGGGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGGAG 300
Db 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGAGGGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGGAG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGAAGTATCAGCGCTCCGGAAGTATTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGAAGTATCAGCGCTCCGGAAGTATTTGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
QY 361 TGGGATGTTGGGGTTAGCCATTCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTTGGAGGGGAT 420
Db 361 TGGGATGTTGGGGTTAGCCATTCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTTGGAGGGGAT 420
QY 421 CTGGGAGTCTGTAAGCCGTAAGCAGATGACTGTTATTTCTACTCAAAAGTCTGTAGC 480
Db 421 CTGGGAGTCTGTAAGCCGTAAGCAGATGACTGTTATTTCTACTCAAAAGTCTGTAGC 480
QY 481 TCGGCCAAGACGCGCAGAAAGCAGACGAGGCTTGATATCTGTGTCAATTTAAAC 540
Db 481 TCGGCCAAGACGCGCAGAAAGCAGACGAGGCTTGATATCTGTGTCAATTTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTGAAAGGGGCAACGAGCAAAAGGCGCAAAAGTCCAGCGGATGCTGGCTGTAA 600
Db 541 ATCTGTTGAAAGGGGCAACGAGCAAAAGGCGCAAAAGTCCAGCGGATGCTGGCTGTAA 600
QY 601 TTACAAAAATTTGCTGATCATGATGAGCTTGAGACATTTGGCTCAGGCTTTGGCAGC 660
Db 601 TTACAAAAATTTGCTGATCATGATGAGCTTGAGACATTTGGCTCAGGCTTTGGCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGCGCAAGACCTCGCATATAGTCTCCAAATCTTGGATCTTTGGA 720
Db 661 TCATGTTGGGAGCGCAAGACCTCGCATATAGTCTCCAAATCTTGGATCTTTGGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGTATTTTACAACTTCAACAACCTTATGATGGCCGCTGGT 780
Db 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGTATTTTACAACTTCAACAACCTTATGATGGCCGCTGGT 780
QY 781 GGCAGAGAGCGGTCTTGAACAAGTCTGCCAGATAGTACGTTGCTGAGAGATGGAATCAA 840

Db 781 GGCAGAGAGCGGTCTTGAACAAGTCTGCCAGATAGTACGTTGCTGAGAGATGGAATCAA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 900
Db 841 CTGGGCTACTGTTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 900
QY 901 TCCCTGTGTTGGGGGGGGGGTCACTGACCGACGACCAAAATACCAAAATCTGACCAATTG 960
Db 901 TCCCTGTGTTGGGGGGGGGGTCACTGACCGACGACCAAAATACCAAAATCTGACCAATTG 960
QY 961 CTGCCAGGATATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGGCTTCAACAGACCTGGTTG 1020
Db 961 CTGCCAGGATATCAGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGGCTTCAACAGACCTGGTTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGGCGGGAGAGTGGTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCACACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGGCGGGAGAGTGGTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCACACCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGGACTGGCAGCGACTCCTCTTGGCTGACCAATTTGTTATGGGGGCTCTTGT 1140
Db 1081 TTGGACTGGCAGCGACTCCTCTTGGCTGACCAATTTGTTATGGGGGCTCTTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGACGCGCTTGAACATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
Db 1141 GACCTGTGACGCGCTTGAACATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
QY 1201 GCTTGTCAAGGACCTGGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGGTACTTGTATCTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTCAAGGACCTGGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGGTACTTGTATCTGGA 1260
QY 1261 AGTGGCCACTGGAATAGATCCGGGTTCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
Db 1261 AGTGGCCACTGGAATAGATCCGGGTTCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTCACTCTTTCAGCAAACTGGCTTCAAGATGACATACGCTATTGCGACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTCACTCTTTCAGCAAACTGGCTTCAAGATGACATACGCTATTGCGACTAT 1380
QY 1381 GTTTAGCAGTGTACACTACTGCGGGTGGCGCTCTGATCTATGCTCTCGGGGCA 1440
Db 1381 GTTTAGCAGTGTGTACTACTGCGGGTGGCGCTCTGATCTATGCTCTCGGGGCA 1440
QY 1441 GTGATATGATGCTCTAGAGCTTATGCTTATACATGAAAGGACCTCTGGAACCTTAT 1500
Db 1441 GTGATATGATGCTCTAGAGCTTATGCTTATACATGAAAGGACCTCTGGAACCTTAT 1500
QY 1501 CAGGCTGCCACTGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTCTGCTTGTGATGATACATGTCC 1560
Db 1501 CAGGCTGCCACTGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTCTGCTTGTGATGATACATGTCC 1560
QY 1561 TTGCCACTTTATTTGAGTGAAGATGTGCAGAAATCTTTGTATGACATGCGAAAGTGGAC 1620
Db 1561 TTGCCACTTTATTTGAGTGAAGATGTGCAGAAATCTTTGTATGACATGCGAAAGTGGAC 1620
QY 1621 CAGGCTGATCACTAGAGTATTAACAATCCATCTTGTGTCCTTATACATCCCTG 1680
Db 1621 CAGGCTGATCACTAGAGTATTAACAATCCATCTTGTGTCCTTATACATCCCTG 1680
QY 1681 TCGCAGGGGATGATGTTAAATTCAAAATTAACATAGGGGTTGCTGCGTATTTGCA 1740
Db 1681 TCGCAGGGGATGATGTTAAATTCAAAATTAACATAGGGGTTGCTGCGTATTTGCA 1740
QY 1741 TGTGCATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
Db 1741 TGTGCATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
QY 1801 CGAAGTATGCGGTTGAACCAATGCGTAAACACCGGATGCGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTTGAACCAATGCGTAAACACCGGATGCGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
QY 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGAATGTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGAATGTC 1920

Dh 1861 ATTGGCTAATATTAACAATACCTGGGCTTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCATTTGATTTTGGAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGAA 1980
Dh 1921 AGGCATTTGATTTTGGAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGAA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCCACCCGAGAGGAGTGGGTTAGGTTGCCGGTACCACCTGTGTACG 2040
Dh 1981 TTCCACTCTCCACCCGAGAGGAGTGGGTTAGGTTGCCGGTACCACCTGTGTACG 2040
Qy 2041 TGGTCTTGGTTAAGGTTCCGCAAGGTTTAAAGTAGTGAATAAAGCTAGCAAG 2100
Dh 2041 TGGTCTTGGTTAAGGTTCCGCAAGGTTTAAAGTAGTGAATAAAGCTAGCAAG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACCAAGAACAAAGCTGGAAAAATTATCAGGTCTTATATTCGCAAGGAGTGC 2160
Dh 2101 ATTGATCAACCAAGAACAAAGCTGGAAAAATTATCAGGTCTTATATTCGCAAGGAGTGC 2160
Qy 2161 TTTGCTCTTACGGAGATTACCAACAAAGCCGTGTCTAATTCGTGGGGTTGTGTG 2220
Dh 2161 TTTGCTCTTACGGAGATTACCAACAAAGCCGTGTCTAATTCGTGGGGTTGTGTG 2220
Qy 2221 CAGCAATATCTTATTTAGCTACCTGTGTACTTGTCCCTTGTGGGGGCTTC 2280
Dh 2221 CAGCAATATCTTATTTAGCTACCTGTGTACTTGTCCCTTGTGGGGGCTTC 2280
Qy 2281 TGGTTACCCCTTGGGCTCTGTGCTCCCATCCAGTCTATCTCCAGCTGGTGGAGT 2340
Dh 2281 TGGTTACCCCTTGGGCTCTGTGCTCCCATCCAGTCTATCTCCAGCTGGTGGAGT 2340
Qy 2341 TTTGCTTAAAGCTCAAGTAGCTCCTTTTGTGATTTCTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Dh 2341 TTTGCTTAAAGCTCAAGTAGCTCCTTTTGTGATTTCTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGAGAGCTACGTTATGCTGCTCTTTAAGGTTTGTGCCATGCTGCGGCTTGCCT 2460
Dh 2401 CTGAGAGCTACGTTATGCTGCTCTTTAAGGTTTGTGCCATGCTGCGGCTTGCCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTGTGACAGCTGCTGCTGCAACCAAGATTATGACTGAGGAGTGGAGCTGCT 2520
Dh 2461 AACTTTCTTGTGACAGCTGCTGCTGCAACCAAGATTATGACTGAGGAGTGGAGCTGCT 2520
Qy 2521 AGTGGCAGGAGTATGTTTGTGGCCGCGCGTAACCGTGTACCGGCACTAGCTGTGCT 2580
Dh 2521 AGTGGCAGGAGTATGTTTGTGGCCGCGCGTAACCGTGTACCGGCACTAGCTGTGCT 2580
Qy 2581 AGGTCTTGGGCTCTGTGAGGCTTTTAACCTCTTGCATTTGGTATACGCTGCTTACG 2640
Dh 2581 AGGTCTTGGGCTCTGTGAGGCTTTTAACCTCTTGCATTTGGTATACGCTGCTTACG 2640
Qy 2641 TTTTGAACCGAGATATTTGAGAGGCGTGAATAACCACTGTATAGCATTTAGTGCAT 2700
Dh 2641 TTTTGAACCGAGATATTTGAGAGGCGTGAATAACCACTGTATAGCATTTAGTGCAT 2700
Qy 2701 GTCTCGTTTGGCTCTTGTCTCACTTGTACCTGCTGTGCTTATAGTACTCATAT 2760
Dh 2701 GTCTCGTTTGGCTCTTGTCTCACTTGTACCTGCTGTGCTTATAGTACTCATAT 2760
Qy 2761 TTGGCAACGTTTGGAGATTTGTTTGAAGCTTATACCTAAGACCGGAGAGTTCCT 2820
Dh 2761 TTGGCAACGTTTGGAGATTTGTTTGAAGCTTATACCTAAGACCGGAGAGTTCCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGACATATGACCGCTGTGACTTCTGTGTGTCA 2880
Dh 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGACATATGACCGCTGTGACTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTATAGTTAATCATCATGAGCATGCTTTGGGACTACCTTACGCT 2940
Dh 2881 CGTAGCTCTTATAGTTAATCATCATGAGCATGCTTTGGGACTACCTTACGCT 2940
Qy 2941 TAGGGCCATAGATGTTGGTGTCTCGAAGAGTGCATGCTTGTGATTTCTATATGT 3000
Dh 2941 TAGGGCCATAGATGTTGGTGTCTCGAAGAGTGCATGCTTGTGATTTCTATATGT 3000

Qy 3001 TCTTAAGTTTTCCTTATGTTGTGTGAGAAAGTGTGTTTCTATAGCACTTGCA 3060
Dh 3001 TCTTAAGTTTTCCTTATGTTGTGTGAGAAAGTGTGTTTCTATAGCACTTGCA 3060
Qy 3061 TGGTATGTTCTTATAGATTTTGTCTGAAATCAATTCGAAGACCATTTTCC 3120
Dh 3061 TGGTATGTTCTTATAGATTTTGTCTGAAATCAATTCGAAGACCATTTTCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGCTATAGGAATGGAAGAGAGCTGTGGGAGCAC 3180
Dh 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGCTATAGGAATGGAAGAGAGCTGTGGGAGCAC 3180
Qy 3181 GGTGAATGTTTCCCTTGTGTGCGGCTTCGCGACCTTGTTCGACAGGTTGCTAT 3240
Dh 3181 GGTGAATGTTTCCCTTGTGTGCGGCTTCGCGACCTTGTTCGACAGGTTGCTAT 3240
Qy 3241 GCCGCAAGTGGTGGCCATTACCGCACCTTTTACGCTGCAGTCTCTGAAAGTGG 3300
Dh 3241 GCCGCAAGTGGTGGCCATTACCGCACCTTTTACGCTGCAGTCTCTGAAAGTGG 3300
Qy 3301 CACGCTGACGAGTGGCAGTGTGTATGACCTGATATGACCCCGAATTGAGCTGGAAC 3360
Dh 3301 CACGCTGACGAGTGGCAGTGTGTATGACCTGATATGACCCCGAATTGAGCTGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAATAGATATCTGTGCACTAGCTACATGGAATTTGTTGTGCAACGTGT 3420
Dh 3361 TATCTTCAATAGATATCTGTGCACTAGCTACATGGAATTTGTTGTGCAACGTGT 3420
Qy 3421 GATATGCTGCTACCATGAGCAGAAAGGCGCGGTGCTCATCCACAGGCTTATACA 3480
Dh 3421 GATATGCTGCTACCATGAGCAGAAAGGCGCGGTGCTCATCCACAGGCTTATACA 3480
Qy 3481 CCCAATACCGTTGAGCGGCTATATGACAGAGCATTTATCAACACATGTGAGCTGG 3540
Dh 3481 CCCAATACCGTTGAGCGGCTATATGACAGAGCATTTATCAACACATGTGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACCTGGGCTGTTGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGGTAAACGACTGGGCTC 3600
Dh 3541 GTCCCTTACCTGGGCTGTTGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGGTAAACGACTGGGCTC 3600
Qy 3601 ATTGTTAGAGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGCGGGCCCTTCCAT 3660
Dh 3601 ATTGTTAGAGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGCGGGCCCTTCCAT 3660
Qy 3661 GGTGTTGCCAAGGTTTCTTCAAGTGTCCCGATTTCTGTCTCTCCGCGCATGTTATGG 3720
Dh 3661 GGTGTTGCCAAGGTTTCTTCAAGTGTCCCGATTTCTGTCTCTCCGCGCATGTTATGG 3720
Qy 3721 GATGTTACCGGCTGCTAAGAAATCTGCGGTTAGTCAAGTATAGGTTAGGCGGTT 3780
Dh 3721 GATGTTACCGGCTGCTAAGAAATCTGCGGTTAGTCAAGTATAGGTTAGGCGGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGTGATATACATCCAGTACAGACATGCACTTGTATCAAAACCTTAC 3840
Dh 3781 GGTGTGTGTGATATACATCCAGTACAGACATGCACTTGTATCAAAACCTTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTACAGATATTCAGTGAATTTTAATTTGCCCACTGTGACGCGCAAGTCAAC 3900
Dh 3841 TGTGCTTACAGATATTCAGTGAATTTTAATTTGCCCACTGTGACGCGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTAACACTTCTTATACATGAGAGAGATATGAGTGTGGTCTTAATCCCACTGT 3960
Dh 3901 CAAATTAACACTTCTTATACATGAGAGAGATATGAGTGTGGTCTTAATCCCACTGT 3960
Qy 3961 GGTCAACAGCATCATATGCAAGTATGACAGGAGTATGAGGCTGATATCAAAATGG 4020
Dh 3961 GGTCAACAGCATCATATGCAAGTATGACAGGAGTATGAGGCTGATATCAAAATGG 4020
Qy 4021 CTAATTTAATGCAAAATGATCAACACAGGGGCTTACCTTACGTAACGATATGCGAT 4080
Dh 4021 CTAATTTAATGCAAAATGATCAACACAGGGGCTTACCTTACGTAACGATATGCGAT 4080

QY	4081	GTACTCGACCGGACGATGTTCCCGGAACTATGATGTATCATTTTGACGAAATGCCATGC	4140
Db	4081	GTACTCGACCGGACGATGTTCCCGGAACTATGATGTCATATTTGTGACCAATGCCATGC	4140
QY	4141	TACCGATGCAACCAACCGGTGGGCAATTGGAAAGCTCTTAAACGAACTCATTCGAAAA	4200
Db	4141	TACCGATGCAACCAACCGGTGGGCAATTGGAAAGTTCCTAACCGAACTCATTCGAAAA	4200
QY	4201	TGTTAGGCTAGTGGTTCCTGGCAGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTACACCACTATGC	4260
Db	4201	TGTTAGGCTAGTGGTTCCTGGCAGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTACACCACTATGC	4260
QY	4261	CAACATAACTGAGATTCATTAATTAACCGATGAAGCACTATCCCTTATGAGAAAAAGAT	4320
Db	4261	CAACATACTGAGATTCATTAATTAACCGATGAAGCACTATCCCTTATGAGAAAAAGAT	4320
QY	4321	TAAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG	4380
Db	4321	TAAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG	4380
QY	4381	TGATGAGCTTCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGAATAACAGCTCTCTTACTATAGAGG	4440
Db	4381	TGATGAGCTTCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGAATAACAGCTCTCTTACTATAGAGG	4440
QY	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTCCTATGCTTGTG	4500
Db	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTCCTATGCTTGTG	4500
QY	4501	TACAGGGTACACTGTGTACTTGAATCCGTGTATGACTGACGCTCATGTGAGAAAGCAC	4560
Db	4501	TACAGGGTACACTGTGTACTTGAATCCGTGTATGACTGACGCTCATGTGAGAAAGCAC	4560
QY	4561	ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCTTACCATGGAGTGTGTGTGTGTCGGGGCTTGACG	4620
Db	4561	ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCTTACCATGGAGTGTGTGTGTGTCGGGGCTTGACG	4620
QY	4621	AATAGTTAAAGGCGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGGCATATATCTATA	4680
Db	4621	AATAGTTAAAGGCGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGGCATATATCTATA	4680
QY	4681	TGTAGACGGGAGTTTACCCCTTGGGGTATGGTTCGTGAATGCAACATTGTTGAAGCTT	4740
Db	4681	TGTAGACGGGAGTTTACCCCTTGGGGTATGGTTCGTGAATGCAACATTGTTGAAGCTT	4740
QY	4741	CGAGCAGACCAAGGAGTGTATGGTGTCTATCAACAGAACTCAAACTATTTGCGACAC	4800
Db	4741	CGAGCAGACCAAGGAGTGTATGGTGTCTATCAACAGAACTCAAACTATTTGCGACAC	4800
QY	4801	CTATGCAACCCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT	4860
Db	4801	CTATGCAACCCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT	4860
QY	4861	CTTTTCTATGTCAAACCCGAACTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAAGAACTGCTGACAA	4920
Db	4861	CTTTTCTATGTCAAACCCGAACTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAAGAACTGCTGACAA	4920
QY	4921	TTATGTTTTTGTGAATGCAAGCCCAACTCAACTGTGTATGATAGTATGCTATGCTGCC	4980
Db	4921	TTATGTTTTTGTGAATGCAAGCCCAACTCAACTGTGTATGATAGTATGCTATGCTGCC	4980
QY	4981	CAATGACGACCAACGCTGGCAGGAGGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTCTGTG	5040
Db	4981	CAATGACGACCAACGCTGGCAGGAGGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTCTGTG	5040
QY	5041	GCGCTTGGACGCGCTGACGCTGTCTGTGCCCAGAGCCGACGAGGTGACCAATACCA	5100
Db	5041	GCGCTTGGACGCGCTGACGCTGTCTGTGCCCAGAGCCGACGAGGTGACCAATACCA	5100
QY	5101	AATGTGCTTCACTGAAGTCAATACTTCTGGGACAGCCGCACTGGTGTGGCGTTGAGGT	5160
Db	5101	AATGTGCTTCACTGAAGTCAATACTTCTGGGACAGCCGCACTGGTGTGGCGTTGAGGT	5160
QY	5161	GCGTATGCTTATCTTAGCACTTGAACCTTTTGCGCACTGTGTGTGCGCGCTGTGCTGTG	5220

Db	5161	GGGCTATGGCTTATCTACCAATTGACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGGGGCTTGGCTGTC	5220
Qy	5221	TATTGCATCGATCCCTTACCGGGTGTACTGTGCGCCCAAGTGGTTGACGAAGAAGAAATCGT	5280
Db	5221	TATTACATCAAGTCCCTACCGGTGTACTGTGCGCCCAAGTGGTTGACGAAGAAGAAATCGT	5280
Qy	5281	GGAGAGATGTGCAATCATTTATCCCTTGGAGGGCCATGSGTTGCGCAATCGATTAAGCTGAA	5340
Db	5281	GGAGAGATGTGCAATCATTTATCCCTTGGAGGGCCATGSGTTGCGCAATCGATTAAGCTGAA	5340
Qy	5341	GAGTACAAATCCACAACACTAGTCCCTTCAATTGAAACCGCCCTGAAAACTTAACAC	5400
Db	5341	GAGTACAAATCCACAACACTAGTCCCTTCAATTGAAACCGCCCTGAAAACTTAACAC	5400
Qy	5401	CTTTCTTGGGCTCATGAGCTACATCTTGTCTATCATATGAGTATTTGCTGTGTTTAACT	5460
Db	5401	CTTTCTTGGGCTCATGAGCTACATCTTGTCTATCATATGAGTATTTGCTGTGTTTAACT	5460
Qy	5461	CACCTTACCGTGAACATCCCTTGGCATATGAGGTGTTGCTTTCATTTGCGGGTATTAAC	5520
Db	5461	CACCTTACCGTGAACATCCCTTGGCATATGAGGTGTTGCTTTCATTTGCGGGTATTAAC	5520
Qy	5521	CCCACTACCTCACAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGAGGCGCAATTGCGTCAA	5580
Db	5521	CCCACTACCTCACAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGAGGCGCAATTGCGTCAA	5580
Qy	5581	GCTTACAGACGCTAGAGGCGCATGCGGCTCANGATGCGCGGGCTGCGGGAACAGTCT	5640
Db	5581	GCTTACAGACGCTAGAGGCGCATGCGGCTCANGATGCGCGGGCTGCGGGAACAGTCT	5640
Qy	5641	TGTTACATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATCTAGCGGCTATGCTGCGGCTC	5700
Db	5641	TGTTACATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATCTAGCGGCTATGCTGCGGCTC	5700
Qy	5701	ATCCACTGCTGCTTGAACATTTAAATGCTGTGATGGGTGAGTGCGGCCCATATGATCAAGCT	5760
Db	5701	ATCCACTGCTGCTTGAACATTTAAATGCTGTGATGGGTGAGTGCGGCCCATATGATCAAGCT	5760
Qy	5761	TGCTGGTTTACTTACTCTCGCGCTTCAATCCGGCCGAGAGAGTTGTGGGCGCTCTGTACAG	5820
Db	5761	TGCTGGTTTACTTACTCTCGCGCTTCAATCCGGCCGAGAGAGTTGTGGGCGCTCTGTACAG	5820
Qy	5821	TTGTGCAATGTTTTCCTTGAACAAGAGAGGCGCAATCACTGCGCCAAACAATCTTAC	5880
Db	5821	TTGTGCAATGTTTTCCTTGAACAAGAGAGGCGCGAGATCACGCGCCAAACAATCTTAC	5880
Qy	5881	TATGCTTCTAGAGCAACACTGATATGTAATGATTAAGATCTTTATGSCCATGSGTACATCCG	5940
Db	5881	TATGCTTCTAGAGCAACACTGATATGTAATGATTAAGATCTTTATGSCCATGSGTACATCCG	5940
Qy	5941	CAGAAAGATACGGGCAATCTGAGAGCACTACCCCTGAGAGTCAATACAGTTGCAT	6000
Db	5941	CAGAAAGATACGGGCAATCTGAGAGCACTACCCCTGAGAGTCAATACAGTTGCAT	6000
Qy	6001	CCGTGTGCTCAACCCCGACGAGAGATATTGCGGCTCATTTGCTTGGGTTTAAAGAT	6060
Db	6001	CCGTGTGCTCAACCCCGACGAGAGATATTGCGGCTCATTTGCTTGGGTTTAAAGAT	6060
Qy	6061	TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTTGTGATATTTGCTTTAATGCTCTTAAAGCTGAGTTCA	6120
Db	6061	TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTTGTGATATTTGCTTTAATGCTCTTAAAGCTGAGTTCA	6120
Qy	6121	GAGCATGGTTAACTTCTGTGTTGCTTCTTCAAGCTGCCAAGAAAGGGGTACAAAGGCGCC	6180
Db	6121	GAGCATGGTTAACTTCTGTGTTGCTTCTTCAAGCTGCCAAGAAAGGGGTACAAAGGCGCC	6180
Qy	6181	CTGATTTGAGTACAGTATGCTCCAAAGACGTGTCATGAGSGTGTGAATCATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGATTTGAGTACAGTATGCTCCAAAGACGTGTCATGAGSGTGTGAATCATCTTTTC	6240
Qy	6241	TGTTAGATGGTTTGTGAAAACCTTACAAAGACCAAGACTTGTCAAATTACTGAGG	6300

Dh 6241 TGTGAGAGTGGTTTGCMAAACTTTACAAAGACCCAGAACTTGTCTMAATTACTGAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGAGCTGTGTGGCTGAGACCGGACCCCACTGATTG 6360
Dh 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGAGCTGTGTGGCTGAGACCGGACCCCACTGATTG 6360
Qy 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTATGCGGTTAGGGAGCTACTGTAATATGAGAAATGGAGAG 6420
Dh 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTATGCGGTTAGGGAGCTACTGTAATATGAGAAATGGAGAG 6420
Qy 6421 TCACATTTTGTTCAGAGAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGAGTGGCCCAAC 6480
Dh 6421 TCACATTTTGTTCAGAGAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGAGTGGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTGAGAGCTGCACTGAGCGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Dh 6481 CTGAGAGCTGCACTGAGCGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Qy 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTACGGTCCGGAAGGTAAAGGTTAAACTGTTAA 6600
Dh 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTACGGTCCGGAAGGTAAAGGTTAAACTGTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCTCCGCGGTGACCGGTACACACCTGCTGTGTGCGCATGCACTTAAATTTGCTGA 6660
Dh 6601 GCTTCCTCCGCGGTGACCGGTACACACCTGCTGTGTGCGCATGCACTTAAATTTGCTGA 6660
Qy 6661 TGCACTTGAGACAATGACTGTATTCACAAACAACTCTAGTATGAGCGGAGT 6720
Dh 6661 TGCACTTGAGACAATGACTGTATTCACAAACAACTCTAGTATGAGCGGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGTTGCGGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGGCAATTC 6780
Dh 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGTTGCGGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGGGTGAGACACCAACCTGCGACGCCCTCCATGGAAGAGTATGTTAGAA 6840
Dh 6781 AGCTGGGTGAGACACCAACCTGCGACGCCCTCCATGGAAGAGTATGTTAGAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTTCCGGGCAAGAACTGGTTGCTTACCTTCCCTCCGAGATCCGCTCC 6900
Dh 6841 GCGCAGTTCCGGGCAAGAACTGGTTGCTTACCTTCCCTCCGAGATCCGCTCC 6900
Qy 6901 AGAGTGTCAATGTCCTGAAAAGCTGCAACGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Dh 6901 AGAGTGTCAATGTCCTGAAAAGCTGCAACGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCTCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Dh 6961 CCTCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGGCTGTATGA 7080
Dh 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGGCTGTATGA 7080
Qy 7081 TTTAACCAAGTTACCTTCCAAAAAGAGGTCTGTGAATGTGACAGCAAGTTGTGTGAC 7140
Dh 7081 TTTAACCAAGTTACCTTCCAAAAAGAGGTCTGTGAATGTGACAGCAAGTTGTGTGAC 7140
Qy 7141 GGTCTACACCGTTTCCAGCTAGCTTACTGGCCCCCTGTAACCTTAAGTATGCGGAAAGGA 7200
Dh 7141 GGTCTACACCGTTTCCAGCTAGCTTACTGGCCCCCTGTAACCTTAAGTATGCGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTTCACTCAGTACGCCCCCGCAAAAGGCTTACAAAAAAGAGTTGGGAAAGGTATG 7260
Dh 7201 TTTCACTCAGTACGCCCCCGCAAAAGGCTTACAAAAAAGAGTTGGGAAAGGTATG 7260
Qy 7261 TTGCTGAGCATGAGCTTACCTGACCGACGATGATTAGCTTCAAACTGCTTCAAACT 7320
Dh 7261 TTGCTGAGCATGAGCTTACCTGACCGACGATGATTAGCTTCAAACTGCTTCAAACT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAATCTGGGCTCACTACATGTTGTTCTTCAAAAGATCATTTGTTATGT 7380
Dh 7321 TCTGTCTGCAATCTGGGCTCACTACATGTTGTTCTTCAAAAGATCATTTGTTATGT 7380

Qy 7381 GACTAGCCCGGAGTGCAGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGCAACCTCT 7440
Dh 7381 GACTAGCCCGGAGTGCAGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGCAACCTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATTTGGCTTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Dh 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATTTGGCTTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTCAATGGGACCTATATGATGAGTGAAGCTCAACCGCCCTTAAGTCTGCTAAGT 7560
Dh 7501 CGGTGTCAATGGGACCTATATGATGAGTGAAGCTCAACCGCCCTTAAGTCTGCTAAGT 7560
Qy 7561 CCAATCATCTGCGCTTGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Dh 7561 CCAATCATCTGCGCTTGGGGCACTGATGTTGCTTGGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGACTTGCAAGATGTGTGAGGCAAGGTAGATACCGAGTCAATTATCGGCAAACTGTAT 7680
Dh 7621 GGACTTGCAAGATGTGTGAGGCAAGGTAGATACCGAGTCAATTATCGGCAAACTGTAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTCTTCTGTAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Dh 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTCTTCTGTAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGAGATGTTGTAAGAAAGTACTACGCTCAAGT 7800
Dh 7741 GCTTATCTCGTACCCCACTTGAATGAGATGTTGTAAGAAAGTACTACGCTCAAGT 7800
Qy 7801 TGCTCTGAGTATGATTAAGCTGTCAATGAGAGTGCCTACGCGTTTGTAGATCCAGTAC 7860
Dh 7801 TGCTCTGAGTATGATTAAGCTGTCAATGAGAGTGCCTACGCGTTTGTAGATCCAGTAC 7860
Qy 7861 TGCTCTGAGTATGATTAAGCTGTCAATGAGAGTGCCTACGCGTTTGTAGATCCAGTAC 7860
Dh 7861 TGCTCTGAGTATGATTAAGCTGTCAATGAGAGTGCCTACGCGTTTGTAGATCCAGTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGTGATGTGTGATCAACCGATGCACTGCGAGCCATCTCGATAC 7920
Dh 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGTGATGTGTGATCAACCGATGCACTGCGAGCCATCTCGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAAGTATACCTCAACACCGGAGTATCATGTTGAGAGCAGATCTACTC 7980
Dh 7921 AGTGTGTTTGAAGTATACCTCAACACCGGAGTATCATGTTGAGAGCAGATCTACTC 7980
Qy 7981 AGCAGCTAAACTCAGTGAACCAACCGAGCTGACATTCACACCTTGCAGGAGTTATTA 8040
Dh 7981 AGCAGCTAAACTCAGTGAACCAACCGAGCTGACATTCACACCTTGCAGGAGTTATTA 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGCCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATGAGATATGTATGTTAGGTC 8100
Dh 8041 CGCTGAGAGCCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATGAGATATGTATGTTAGGTC 8100
Qy 8101 TTTCCGCGTCTATACCTCAAGTTCAACAGTTTGAACCTGCTGAGCTGAAGTAAATGC 8160
Dh 8101 TTTCCGCGTCTATACCTCAAGTTTGAACAGTTTGAACCTGCTGAGCTGAAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGATGAAAGACCTGCTTATTTGGGCGATGATTCAC 8220
Dh 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGATGAAAGACCTGCTTATTTGGGCGATGATTCAC 8220
Qy 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGGAGCAGATGCAACAAAGCAATGCTTCTTTGCTAG 8280
Dh 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGGAGCAGATGCAACAAAGCAATGCTTCTTTGCTAG 8280
Qy 8281 CTGAGTGAAGTATGAGGTGCAACCAAGTTGTGTGCTCAACCCCAATATAGTTTGA 8340
Dh 8281 CTGAGTGAAGTATGAGGTGCAACCAAGTTGTGTGCTCAACCCCAATATAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATCTGCTCATCAATGTTAATCTTGTGAATTAACCAAGTGCAGACCTTA 8400
Dh 8341 AGAATTAACATCTGCTCATCAATGTTAATCTTGTGAATTAACCAAGTGCAGACCTTA 8400
Qy 8401 CTAATTTCTTAAGAGATCTCTGTATCCCTTGGCAGGTGCTTGCAGAGGCTCTGGG 8460
Dh 8401 CTAATTTCTTAAGAGATCTCTGTATCCCTTGGCAGGTGCTTGCAGAGGCTCTGGG 8460

Qy	8461	ATACACCCCAAGTGTCTGCTGGATTTGGGTATCTATATCATCATCACTACCAATGTTTGTGGGT	8520
Db	8461	ATACACCCCAAGTGTCTGCTGGATTTGGGTATCTATATCATCATCACTACCAATGTTTGTGGGT	8520
Qy	8521	TAGCCGATGTGTGGCTGTGCCATTTTCATGGACAGATCTCTTTGAGGACAACTTCCCGA	8580
Db	8521	TAGCCGATGTGTGGCTGTGCCATTTTCATGGACAGATCTCTTTGAGGACAACTTCCCGA	8580
Qy	8581	GACGGTGAACCTTTGACTGTGTATGGGAAAAATTATACGGTGCCTGTAGAAATCTGCCAG	8640
Db	8581	GACTGTGACCTTTGACTGTGTATGGGAAAAATTATACGGTGCCTGTAGAAATCTGCCAG	8640
Qy	8641	CATCATTTGCTGTGTGTGACAGGTATTTAGAGCTTTTCTCGTGTGTGGCTATACACCAAGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTGCTGTGTGTGACAGGTATTTAGAGCTTTTCTCGTGTGTGGCTATACACCAAGCTGA	8700
Qy	8701	GATCCTCAAGATTTCCCAATCACTATAAGAGATGATGACCATGCCCCCTGTGAGACTTGGCG	8760
Db	8701	GATCCTCAAGATTTCCCAATCACTATAAGAGATGATGACCATGCCCCCTGTGAGACTTGGCG	8760
Qy	8761	AAAGAAAGCCAGGGCGGTCTCTGCCAGGCGCCAAAGGCGTGGCGGAGACACGCAAAATT	8820
Db	8761	AAAGAAAGCCAGGGCGGTCTCTGCCAGGCGCCAAAGGCGTGGCGGAGACACGCAAAATT	8820
Qy	8821	GGCTTCGCTTCCTTCTCTGGGATGTGTATCATCTAGACCTCTAACAGATTTGGATTAGACGAG	8880
Db	8821	GGCTTCGCTTCCTTCTCTGGGATGTGTATCATCTAGACCTCTAACAGATTTGGATTAGACGAG	8880
Qy	8881	CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTATTTGATGTTTACTCTCCCGGAGGGGAGTGTGT	8940
Db	8881	CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTATTTGATGTTTACTCTCCCGGAGGGGAGTGTGT	8940
Qy	8941	TATTACACCAAGAGATTGCGAAGTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTGCATGTGTTT	9000
Db	8941	TATTACACCAAGAGATTGCGAAGTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTGCATGTGTTT	9000
Qy	9001	TGCCCTAAGGCTCATTTGCTGTGTGATTAGCATGAGCTGAACCCCAATTCAAAAATTAA	9060
Db	9001	TGCCCTAAGGCTCATTTGCTGTGTGATTAGCATGAGCTGAACCCCAATTCAAAAATTAA	9060
Qy	9061	CTAACAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGCGCAACAGGGAGACCCC	9116
Db	9061	TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGCGCAACAGGGAGACCCC	9120
Qy	9117	GGGCTTAACGACCCCGC 9133	
Db	9121	GGGCTTAACGACCCCGC 9137	
RESULT 13			
LOCUS	AR350541	9143 bp	DNA
DEFINITION	Sequence 393 from patent US 6586568.		
VERSION	AR350541		
KEYWORDS	AR350541.1 GI:33751684		
SOURCE	Unknown.		
ORGANISM	Unknown.		
REFERENCE	Unclassified.		
AUTHORS	1 (baes I to 9143)		
	Simons,J.N., Pilot-Matias,T.J., Dawson,G.J., Schlauder,G.G.,		
	Deaai,S.M., Leary,T.P., Merthoff,A.S., Erker,J.C., Buljk,S.L. and		
	Mushahwar,I.K.		
TITLE	Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E hepatitis reagents and methods		
JOURNAL	for their use		
	Patent: US 6586568-A 393 01-UL-2003;		
FEATURES	Abbott Laboratories; Abbott Park, IL		
source	Location/Qualifiers		
	1..9143		
	/organism="unknown"		
	/mol_type="genomic DNA"		
ORIGIN			

Query Match	96.4%	Score 9059.8	DB 6	Length 9143
Best Local Similarity	99.6%	Pred. No. 0		
Matches 9096	Conservative	0	Mismatches 37	Indels 4
Gaps				1
QY	1	ACCAACAAACACTCCAGTTTGTATACATCTCCGCTAGAGATGCTCTGTAGACACCCCCCTAG	60	
Db	1	ACCAACAAACACTCAAGTTTGTATACATCTCCGCTAGAGATGCTCTGTAGACACCCCCCTAG	60	
QY	61	CAGGGCGTGGGGGATTTCCCTGCCGCTGTGCAGAAAGGTGAGCCACCACTTAATAT	120	
Db	61	CAGGGCGTGGGGGATTTCCCTGCCGCTGTGCAGAAAGGTGAGCCACCACTTAATAT	120	
QY	121	GTAAGGCGGCGGAGACTATAGACGCTCCGCTGTATACAAAGGCGCAAGCTTGACTTGGATGGC	180	
Db	121	GTAAGGCGGCGGAGACTATAGACGCTCCGCTGTATACAAAGGCGCAAGCTTGACTTGGATGGC	180	
QY	181	CCGATAGGGGCGTTCAATGGTTCGATGGTGTGCGCTTTTAGAGAGACTCCACGCCACCA	240	
Db	181	CCGATAGGGGCGTTCAATGGTTCGATGGTGTGCGCTTTTAGAGAGACTCCACGCCACCA	240	
QY	241	CCTCCAGATAGACGCGGCGCACTGTAGGGGAACCGGGACCGGTCACTACCAAGACG	300	
Db	241	CCTCCAGATAGACGCGGCGCACTGTAGGGGAACCGGGACCGGTCACTACCAAGACG	300	
QY	301	CAGACCTCTTTTGAAGTATACAGCCTCCCGGAAGTATGTGGGCAAGCCCACTATATGT	360	
Db	301	CAGACCTCTTTTGAAGTATACAGCCTCCCGGAAGTATGTGGGCAAGCCCACTATATGT	360	
QY	361	TGGATAGGTTGGGGGTTAGCCATCATACGTAAGGAGTGGGATGGGATGGGATGGGAT	420	
Db	361	TGGATAGGTTGGGGGTTAGCCATCATACGTAAGGAGTGGGATGGGATGGGATGGGAT	420	
QY	421	CTGGAGTCTCTGAGACCGTAGCAATGCTGTTATTTCTAATCAACCAAGTCTGTACC	480	
Db	421	CTGGAGTCTCTGAGACCGTAGCAATGCTGTTATTTCTAATCAACCAAGTCTGTACC	480	
QY	481	TGCGCCCAAGAACCGGCAAGAACAGAGAGGAGGCTTCATATCTGTGTCCATTTAAAC	540	
Db	481	TGCGCCCAAGAACCGGCAAGAACAGAGAGGAGGCTTCATATCTGTGTCCATTTAAAC	540	
QY	541	ATCTGTTGAAGGGGGAACAAGAGCAAGCGCAAGTCCAGGCGCATCTCGGCTCGTAA	600	
Db	541	ATCTGTTGAAGGGGGAACAAGAGCAAGCGCAAGTCCAGGCGCATCTCGGCTCGTAA	600	
QY	601	TTACAAATTCCTGATATTCATGATGAGCTTGCAGACATTTGGCTAGGCTGTTCGACG	660	
Db	601	TTACAAATTCCTGATATTCATGATGAGCTTGCAGACATTTGGCTAGGCTGTTCGACG	660	
QY	661	TCATGTTGGGGAGCGCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTTTGGGA	720	
Db	661	TCATGTTGGGGAGCGCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTTTGGGA	720	
QY	721	TTACCCCTTTGGGGTGTGATGTGTATTAACCTACACACTGTAGAGGCGCGCTGGT	780	
Db	721	TTACCCCTTTGGGGTGTGATGTGTATTAACCTACACACTGTAGAGGCGCGCTGGT	780	
QY	781	GGCAGAGACGGTCTTGCAGACAGCTGCAAGATAGTACGTTGTGTGAGATGAGTCAA	840	
Db	781	GGCAGAGACGGTCTTGCAGACAGCTGCAAGATAGTACGTTGTGTGAGATGAGTCAA	840	
QY	841	CTGGGCTAATGTTGGTTCGGTGTCCACTTTTGTGTGATGTCTGCTATCTTTGGCCTG	900	
Db	841	CTGGGCTAATGTTGGTTCGGTGTCCACTTTTGTGTGATGTCTGCTATCTTTGGCCTG	900	
QY	901	TCCTCTATGTGGGCGCGGGTCACTGACCAAGACCAATACCAATCCGACCAATTG	960	
Db	901	TCCTCTATGTGGGCGCGGGTCACTGACCAAGACCAATACCAATCCGACCAATTG	960	
QY	961	CTGCAGGCTAATCAGGTTATCTAATGTTCTCTTCCACTTGCCTACAGAGCTGTGG	1020	
Db	961	CTGCAGGCTAATCAGGTTATCTAATGTTCTCTTCCACTTGCCTACAGAGCTGTGG	1020	
QY	1021	TGTATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTACACCTTCCAA	1080	


```
Db 1021 TGTATCTGCGCGGACGAGTCTGGGTTCCGCGCAATCCGTACATCTCACACCCCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGGACTGGACGGACCTCTTCTTGAGCTGACACATGATTTTGTATGGGCGCTTGT 1140
Db 1081 TTGGACTGGACGGACCTCTTCTTGAGCTGACACATGATTTTGTATGGGCGCTTGT 1140
Qy 1141 GACCTGTGACGCCCTTGAATTTGTGATTTGTGTGCTGTGTATTTAGTCCGTGACTG 1200
Db 1141 GACCTGTGACGCCCTTGAATTTGTGATTTGTGTGCTGTGTATTTAGTCCGTGACTG 1200
Qy 1201 GCTTGTGACGGACCTGCTTATTTCAATAGACCTCAATGAACTGTACTTGTCTGTGA 1260
Db 1201 GCTTGTGACGGACCTGCTTATTTCAATAGACCTCAATGAACTGTACTTGTCTGTGA 1260
Qy 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGAGGTTCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGT 1320
Db 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGAGGTTCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTGAACCAACTGGCTTCAACAAGTACATACGCTATTTGCACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTGAACCAACTGGCTTCAACAAGTACATACGCTATTTGCACTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGCAGTGTACATACCTGCGGCTTGGCGCTGTGATCTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Db 1381 GTTTAGCAGTGTACATACCTGCGGCTTGGCGCTGTGATCTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Qy 1441 GTGGATAGTTGCTCCCTAGGCTTATGCTTACATAGAACGCACTCTGGAACCCCTAT 1500
Db 1441 GTGGATAGTTGCTCCCTAGGCTTATGCTTACATAGAACGCACTCTGGAACCCCTAT 1500
Qy 1501 CAGGCTGCCACTGAGATGCTCAATAGCTGATTTTGTCTCGCTTGTATGATACCATGTCC 1560
Db 1501 CAGGCTGCCACTGAGATGCTCAATAGCTGATTTTGTCTCGCTTGTATGATACCATGTCC 1560
Qy 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGAAATGTGTCAAGAACTATTTGTTACAGTCCAAAGTGCAC 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGAAATGTGTCAAGAACTATTTGTTACAGTCCAAAGTGCAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTAAACAATCCATATCTTGTGAACCCCTATACAAATCCCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTAAACAATCCATATCTTGTGAACCCCTATACAAATCCCTGG 1680
Qy 1681 TGCAGGGGATGTATGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGTCTGCCATTTCCCAA 1740
Db 1681 TGCAGGGGATGTATGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGTCTGCCATTTCCCAA 1740
Qy 1741 TGTGCCATCTGATGCACTATGGCACTGATGCAGTGTGAACGACACTGCGAACCTTGA 1800
Db 1741 TGTGCCATCTGATGCACTATGGCACTGATGCAGTGTGAACGACACTGCGAACCTTGA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAACAACATGGCTTAACAACCGCATGGACAACGGCTCAAGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAACAACATGGCTTAACAACCGCATGGACAACGGCTCAAGCCCTGAA 1860
Qy 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCTGGGTCTAAAGAATGTTAAACCTCATATTTGATGTCTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCTGGGTCTAAAGAATGTTAAACCTCATATTTGATGTCTC 1920
Qy 1921 AGGCAATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGAA 1980
Db 1921 AGGCAATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGAA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTACACACCGAGAGGTGGCTAGTGTGCCGCTACCCCACTGTGTGACG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTACACACCGAGAGGTGGCTAGTGTGCCGCTACCCCACTGTGTGACG 2040
Qy 2041 TGGTCTCTGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTGAATGTAAGAAGCTAGCACAGG 2100
Db 2041 TGGTCTCTGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTGAATGTAAGAAGCTAGCACAGG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACCAAGCAAAAGCTGGAATAATTAATCAAGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC 2160
Db 2101 ATTGATCAACCAAGCAAAAGCTGGAATAATTAATCAAGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC 2160

Db 2101 ATTGATCAACCAAGCAAAAGCTGGAATAATTAATCAAGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTACGGGAGTTATACACCAAGCGCGTGTGTAAATTCGTTGTGGGTTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGGGAGTTATACACCAAGCGCGTGTGTAAATTCGTTGTGGGTTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTTAACTTACCTGTGTACTTGTCTTGTCTTGTGTGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTTAACTTACCTGTGTACTTGTCTTGTCTTGTGTGGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGGTATCCCTTGGGCTGCTGCTCCCATCCCATCCCATCTCCATCTCCAGCTGGCTGGAGT 2340
Db 2281 TGGTATCCCTTGGGCTGCTGCTCCCATCCCATCCCATCTCCATCTCCAGCTGGCTGGAGT 2340
Qy 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTGTGTGTATTTTCTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTGTGTGTATTTTCTCATCTGTGTCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCCAATGCTGCGGCTTGCCT 2460
Db 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCCAATGCTGCGGCTTGCCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTGTGTGACAGCTGCTGCCCAACCAAGTATTAATGATGTGTGTGCACTGCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTGTGTGACAGCTGCTGCCCAACCAAGTATTAATGATGTGTGTGCACTGCT 2520
Qy 2521 AGTGACAGGTTAGTTTGTGGGCGGCGGTAAACGTTGTCAACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGACAGGTTAGTTTGTGGGCGGCGGTAAACGTTGTGTCAACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Qy 2581 AGGCTCTTGGCTCTGTGTGACGCTTTTAAACCTTGTCAATTTGTGTGACGCTGTGACG 2640
Db 2581 AGGCTCTTGGCTCTGTGTGACGCTTTTAAACCTTGTGTCAATTTGTGTGACGCTGTGACG 2640
Qy 2641 TTTTGAATCCGAGTAAATTTGAAGGCTGACAAATACCACTGTATAGATTAATGTTGTAT 2700
Db 2641 TTTTGAATCCGAGTAAATTTGAAGGCTGACAAATACCACTGTATAGATTAATGTTGTAT 2700
Qy 2701 GTCTCGTTTGGCTCTTGTCTCACTGTATACCTGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2760
Db 2701 GTCTCGTTTGGCTCTTGTCTCACTGTATACCTGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2760
Qy 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGTTTGTGAACGTTTACCTAAGACCGAGAGGTTTCTCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGTTTGTGAACGTTTACCTAAGACCGAGAGGTTTCTCTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTGTTGTTTCCCGGTGTGACATATGACGCGCTGTGTCTTCTGTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTGTTGTTTCCCGGTGTGACATATGACGCGCTGTGTCTTCTGTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAACTTCAGTGAAGCATGTGTTCTTGTGGGACTGACTGTAGGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAACTTCAGTGAAGCATGTGTTCTTGTGGGACTGACTGTAGGGT 2940
Qy 2941 TAGGCGCCATAGATATGTGTGCTCTCGGAAGGTGCATGCTTGTGTATCTATATGT 3000
Db 2941 TAGGCGCCATAGATATGTGTGCTCTCGGAAGGTGCATGCTTGTGTATCTATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCTCTCTAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTCTAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
Qy 3061 TGGATGATCTTGTGCTTAATGATTTTGTGCTGAACCTAATGCAAGGCAATTTTCTCC 3120
Db 3061 TGGATGATCTTGTGCTTAATGATTTTGTGCTGAACCTAATGCAAGGCAATTTTCTCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCTCTATAGGAATGAAGAAGACGTTTGGCGTGTGGGACAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCTCTATAGGAATGAAGAAGACGTTTGGCGTGTGGGACAC 3180
Qy 3181 GGTGATGATTTGTGCGGCTGTGTGCGGTCTGTGCGACCTTGTGTTCGACAGGCTGTAT 3240
Db 3181 GGTGATGATTTGTGCGGCTGTGTGCGGTCTGTGCGACCTTGTGTTCGACAGGCTGTAT 3240
```

QY 3241 GCCGCAGATGGGTGGGCCATTACCGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAACGTGG 3300
Db 3241 GCCGCAGATGGGTGGGCCATTACCGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAACGTGG 3300
QY 3301 CACGCTGTACAGGATGGCAGTGGTATGACTGGTATTAAGACCCCGCACTTGGACTGAAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTACAGGATGGCAGTGGTATGACTGGTATTAAGACCCCGCACTTGGACTGAAAC 3360
QY 3361 TATCTTCAGATTAGGATCTCTGGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACAACTGTG 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGGATCTCTGGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACAACTGTG 3420
QY 3421 GATATCTGTCAACATGGGAGAAAGGGGCGCGGTGGTCTATCCCAAGGCTTATATCA 3480
Db 3421 GATATCTGTCAACATGGGAGAAAGGGGCGCGGTGGTCTATCCCAAGGCTTATATCA 3480
QY 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACCAAGGACATCTTCAACCAACCATGTGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACCAAGGACATCTTCAACCAACCATGTGAGCTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTACTCGGTGTCTTTGCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTAAACGACTGGGGTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTCGGTGTCTTTGCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTAAACGACTGGGGTTC 3600
QY 3601 ATTGGTGAAGGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGGGGCCCTTCCCAT 3660
Db 3601 ATTGGTGAAGGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGGGGCCCTTCCCAT 3660
QY 3661 GGCTGTGGCAAGGGGTTCTTCAGGTGCCCGGATCTGTCTCTCCGCGGCACTGTTATTGG 3720
Db 3661 GGCTGTGGCAAGGGGTTCTTCAGGTGCCCGGATCTGTCTCTCCGCGGCACTGTTATTGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGTGTGAGAAATTTCTGCGGTTCACTCACTCAATTAAGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGTGTGAGAAATTTCTGCGGTTCACTCACTCAATTAAGGTTAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTGTGATATCAATCCCAAGTACACAGCATGTGCACTTTGATACAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGATATCAATCCCAAGTACACAGCATGTGCACTTTGATACAAACCTTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTAACGATATTCAGTGAATTTAATTGCCCCACCTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGATATTCAGTGAATTTAATTGCCCCACCTGGACGGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTACCACTTTCTTACATGACAGGAAATGAGGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTACCACTTTCTTACATGACAGGAAATGAGGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGTCTACACAGCATCAATGCCAAAGTACATGACCGGAGTACCGGGTGAATCCAAATTG 4020
Db 3961 GGTCTACACAGCATCAATGCCAAAGTACATGACCGGAGTACCGGGTGAATCCAAATTG 4020
QY 4021 CTATTTTAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTAAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGTAAATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGCAACCACTGTGTGGGCTTGGAAAAGTCTTAAACGGAAGTCTTCCCAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACCACTGTGTGGGCTTGGAAAAGTCTTAAACGGAAGTCTTCCCAAAA 4200
QY 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCAACGGCTACCCCGCTGAGATTAATCCCTTACACCATATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCAACGGCTACCCCGCTGAGATTAATCCCTTACACCATATGC 4260
QY 4261 CAACATTACTGAGATTCAATTACCGATGAAGGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATTACTGAGATTCAATTACCGATGAAGGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320

QY 4321 TAAGAGGAATAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGCTACCAAAAAACATCG 4380
Db 4321 TAAGAGGAATAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGCTACCAAAAAACATCG 4380
QY 4381 TGAATAGCTTGTCTAACAAGTTAGCTGAAAGGAAATTAACAGTGTCTCTTACTATAGGGG 4440
Db 4381 TGAATAGCTTGTCTAACAAGTTAGCTGAAAGGAAATTAACAGTGTCTCTTACTATAGGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGCACTGTGTACTATGTTGCACTGATGCTGTGG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGCACTGTGTACTATGTTGCACTGATGCTGTGG 4500
QY 4501 TACAGGGTACACTGGTGACTTTGATTCGGTATATGACTGACGCTCATGTGTGAAGGCGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGGTGACTTTGATTCGGTATATGACTGACGCTCATGTGTGAAGGCGAC 4560
QY 4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCTTACCAATGAGGTGTGCGTGTGGGGGTCTCAGC 4620
Db 4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCTTACCAATGAGGTGTGCGTGTGGGGGTCTCAGC 4620
QY 4621 AATAGTTAAAGCCACGCTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGGCTGGCATATACTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGCCACGCTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGGCTGGCATATACTACTA 4680
QY 4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTCGGGTATGGTTCCTGAATGCAACATTTGTAAGCCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTCGGGTATGGTTCCTGAATGCAACATTTGTAAGCCTT 4740
QY 4741 CGACGACCCAAAGGATGTATGTTGTATCAACAGAACTCAATTTCTGACAC 4800
Db 4741 CGACGACCCAAAGGATGTATGTTGTATCAACAGAACTCAATTTCTGACAC 4800
QY 4801 CTATGCAACCCACCTGGGTTATCCGATATGAGAACAAATTTGACAGTGGGCTGATGT 4860
Db 4801 CTATGCAACCCACCTGGGTTATCCGATATGAGAACAAATTTGACAGTGGGCTGATGT 4860
QY 4861 CTTTCTATATGTCACCCCGAACCTTCATTTGTCAATCTGCAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATATGTCACCCCGAACCTTCATTTGTCAATCTGCAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGTGACTGACGCCCACTACATGTGTCAATGCTATGCTGTCC 4980
Db 4921 TTATGTTTGTGTGACTGACGCCCACTACATGTGTCAATGCTATGCTGTCC 4980
QY 4981 CAATAGCCACACCGGTGACGGGAGCCCGCTTGGGAAAAAACCTGTGGGGTCTGG 5040
Db 4981 CAATAGCCACACCGGTGACGGGAGCCCGCTTGGGAAAAAACCTGTGGGGTCTGG 5040
QY 5041 GCGCTTGAACGGCGCTGACGCTGTCTGTGACCAGAGCCCAAGGCTGACGAGTGAACGATACCA 5100
Db 5041 GCGCTTGAACGGCGCTGACGCTGTCTGTGACCAGAGCCCAAGGCTGACGAGTGAACGATACCA 5100
QY 5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGACAGCCGCACTGCTGTGTGGGTGAGT 5160
Db 5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGACAGCCGCACTGCTGTGTGGGTGAGT 5160
QY 5161 GGTATGTGCTTATACGCACTTGAACATTTTGGCGCACTTGTGTGGCGGTTGCTGTC 5220
Db 5161 GGTATGTGCTTATACGCACTTGAACATTTTGGCGCACTTGTGTGGCGGTTGCTGTC 5220
QY 5221 TATTACATCAATGCTTACCGGTGCTACTGTCCGCCAAGTGTGACGAAGAAATCGT 5280
Db 5221 TATTACATCAATGCTTACCGGTGCTACTGTCCGCCAAGTGTGACGAAGAAATCGT 5280
QY 5281 GGAGGAGTGTGATCAATTCCTTGGAGCCATGTGTGCTGCAATGATGACTGAA 5340
Db 5281 GGAGGAGTGTGATCAATTCCTTGGAGCCATGTGTGCTGCAATGATGACTGAA 5340
QY 5341 GAGTCAATCAACCAACATAGTCTTTGCAATTTGAAACCGGCTTGAAGAACTTAAAC 5400
Db 5341 GAGTCAATCAACCAACATAGTCTTTGCAATTTGAAACCGGCTTGAAGAACTTAAAC 5400
QY 5401 CTTTCTGGGCTCATGACGCTACAAATCCTTGTCTATCATAGATATGTGCTGTGTTAGT 5460

QY 7621 GGAATTGCAAGAGTGTGTGAGGAGAGTGAATACCGAGTCAATTATCGGCAAACTGTAT 7680
 DB 7621 GGAATTGCAAGAGTGTGTGAGGAGAGTGAATACCGAGTCAATTATCGGCAAACTGTAT 7680
 QY 7681 AGTTCAAAGAGAGGTCTTGTGTGAAGACCCCGAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
 DB 7681 AGTTCAAAGAGAGGTCTTGTGTGAAGACCCCGAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
 QY 7741 GCTTATCTGTGATCCCGACCTTGAAATGAGATGTGTGAGAAATGTACTACGTCAGGT 7800
 DB 7741 GCTTATCTGTGATCCCGACCTTGAAATGAGATGTGTGAGAAATGTACTACGTCAGGT 7800
 QY 7801 TGTCTGTGAGTGAATTAAGAGTGTCTATGAGAGATGTGTGAGAGTGTGTGAGTGTGAGT 7860
 DB 7801 TGTCTGTGAGTGAATTAAGAGTGTCTATGAGAGATGTGTGAGAGTGTGTGAGTGTGAGT 7860
 QY 7861 CGGTGTCAAGCGTGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 7920
 DB 7861 CGGTGTCAAGCGTGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 7920
 QY 7921 AGTGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7980
 DB 7921 AGTGTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7980
 QY 7981 AGCAGTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8040
 DB 7981 AGCAGTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8040
 QY 8041 CGGTGTCAAGCGTGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 8100
 DB 8041 CGGTGTCAAGCGTGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 8100
 QY 8101 TTCCGCGTCTATATCTACTCAAGTTTCAACAGTTTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTG 8160
 DB 8101 TTCCGCGTCTATATCTACTCAAGTTTCAACAGTTTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTG 8160
 QY 8161 TGCAGCCGAAAGAGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 8220
 DB 8161 TGCAGCCGAAAGAGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 8220
 QY 8221 CGTAAATTTGAAAGAGCGCGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 8280
 DB 8221 CGTAAATTTGAAAGAGCGCGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 8280
 QY 8281 CTGATGAAAGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTG 8340
 DB 8281 CTGATGAAAGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTG 8340
 QY 8341 AGAATTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8400
 DB 8341 AGAATTTAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8400
 QY 8401 CTACTTTTCAAGAGATCTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 8460
 DB 8401 CTACTTTTCAAGAGATCTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGT 8460
 QY 8461 ATACAAACCCAGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTG 8520
 DB 8461 ATACAAACCCAGTGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTGATGTGTG 8520
 QY 8521 TAGCCGT 8580
 DB 8521 TAGCCGT 8580
 QY 8581 GAGGT 8640
 DB 8581 GAGGT 8640
 QY 8641 CATCATTTGCTGT 8700
 DB 8641 CATCATTTGCTGT 8700

QY 8701 GATCTCAGAGTTTCCATCATCTAAGACATGACATGCCCCCTGCGAGCCTGCGG 8760
 DB 8701 GATCTCAGAGTTTCCATCATCTAAGACATGACATGCCCCCTGCGAGCCTGCGG 8760
 QY 8761 AAAGAAACCCAGGCGGTCTGTGCAAGGCGGCGGAGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 8820
 DB 8761 AAAGAAACCCAGGCGGTCTGTGCAAGGCGGCGGAGGCGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 8820
 QY 8821 GGT 8880
 DB 8821 GGT 8880
 QY 8881 CGT 8940
 DB 8881 CGT 8940
 QY 8941 TATTAACCAACAGAGAGATGTGAGAGTTTCTGTGAATTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 9000
 DB 8941 TATTAACCAACAGAGAGATGTGAGAGTTTCTGTGAATTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 9000
 QY 9001 TGCCTTAAGGCTCATGCTGT 9060
 DB 9001 TGCCTTAAGGCTCATGCTGT 9060
 QY 9061 CTACAG-----TT 9116
 DB 9061 CTACAGTT 9120
 QY 9117 GGGCTTAAAGACACCCCGC 9133
 DB 9121 GGGCTTAAAGACACCCCGC 9137
 RESULT 14
 AR494272 9143 bp DNA linear PAT 15-MAY-2004
 LOCUS AR494272
 DEFINITION Sequence 390 from patent US 6720166.
 ACCESSION AR494272
 VERSION AR494272.1 GI:47267258
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Unknown.
 Unclassified.
 1 (bases 1 to 9143)
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 9143)
 AUTHORS
 Simons, J.N., Pilot-Matias, T.J., Dawson, G.J., Schlauder, G.G.,
 Desai, S.M., Leary, T.P., Muehloff, A.S., Etker, J.C., Buji, S.L. and
 Mushawar, I.K.
 TITLE
 Non-a, non-b, non-c, non-d, non-e hepatitis reagents and
 methods for their use
 JOURNAL
 Patent: US 6720166-A 390 13-Apr-2004;
 Abbott Laboratories; Abbott Park, IL
 FEATURES
 source
 1..9143
 /organism="unknown"
 /mol_type="genomic DNA"
 ORIGIN
 Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 6; Length 9143;
 Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
 Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
 1 ACCACAAACATCCAGTTTGTATACATCCGCTGAGAAATGCTCTGAGACACCCCTAG 60
 1 ACCACAAACATCCAGTTTGTATACATCCGCTGAGAAATGCTCTGAGACACCCCTAG 60
 61 CAGGCGGTGGGAGATTTCCCTGCGCTGTGAGAAAGGTGAGCAACCACTTAGTAT 120
 61 CAGGCGGTGGGAGATTTCCCTGCGCTGTGAGAAAGGTGAGCAACCACTTAGTAT 120
 121 GTTAGGCGGCGGAGCTATGACGCTGCGGTGATGACAAAGCGCAAGCTTGAATTGATGC 180
 121 GTTAGGCGGCGGAGCTATGACGCTGCGGTGATGACAAAGCGCAAGCTTGAATTGATGC 180

QY	181	CCGAGNAGGGCGCTCAATGGGTTGCGGTGAGTGGAGCCCTTTAGGACACCTCAAGCCACCA	240
Db	181	CCGAGNAGGGCGCTCAATGGGTTGCGGTGAGTGGAGCCCTTTAGGACACCTCAAGCCACCA	240
QY	241	CCTCCAGATPAAGGGCGGCGCACTGATGGAGAAAGACCGGGGACCGGCTCACTACAGAGACG	300
Db	241	CCTCCAGATPAAGGGCGGCGCACTGATGGAGAAAGACCGGGGACCGGCTCACTACAGAGACG	300
QY	301	CAGACCTCTTTTGTAGATACAGCCTCCGGAGTAGTGGGCAAGCCCACTATATGTGT	360
Db	301	CAGACCTCTTTTGTAGATACAGCCTCCGGAGTAGTGGGCAAGCCCACTATATGTGT	360
QY	361	TGGAGNAGTGGGGTTAGCATCCCAATCCGTATCCTCGATATPAGGTTCTTGGAGAGGAT	420
Db	361	TGGAGNAGTGGGGTTAGCATCCCAATCCGTATCCTCGATATPAGGTTCTTGGAGAGGAT	420
QY	421	CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTCTTATTTTCTACTCAACAAAGCTCTGAC	480
Db	421	CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTCTTATTTTCTACTCAACAAAGCTCTGAC	480
QY	481	TGCGCCCAAGACGCGCAAGAACAGCAAGACGAGGCTTCATATCTGTGTCCATTAAAC	540
Db	481	TGCGCCCAAGACGCGCAAGAACAGCAAGACGAGGCTTCATATCTGTGTCCATTAAAC	540
QY	541	ATCTCTTAAAGGGGACCAACGAGCAAAACGCAAACTCCAGGCGCATGCTCGGCTCTGTAA	600
Db	541	ATCTCTTAAAGGGGACCAACGAGCAAAACGCAAACTCCAGGCGCATGCTCGGCTCTGTAA	600
QY	601	TTACAAAATTCGTGTATTCATGATAGGCTTGAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTTGCCAGC	660
Db	601	TTACAAAATTCGTGTATTCATGATAGGCTTGAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTTGCCAGC	660
QY	661	TCATGGTTGGGGACGCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTTCGGA	720
Db	661	TCATGGTTGGGGACGCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTTCGGA	720
QY	721	TTACCCCTTTGGGGTGGATTTGTGATAGTTTACAACTACACACTCTAGTAGGCGCGTGT	780
Db	721	TTACCCCTTTGGGGTGGATTTGTGATAGTTTACAACTACACACTCTAGTAGGCGCGTGT	780
QY	781	GGCAGAGACGGGTCGTTCCAGCAGTCTGGCAGATAGTAGGCTTGCGAGATGGAGTCAA	840
Db	781	GGCAGAGACGGGTCGTTCCAGCAGTCTGGCAGATAGTAGGCTTGCGAGATGGAGTCAA	840
QY	841	CTGGGCTACTGGTTGGTTCGAGTGTCAACCTTTTGTGTATGTCTATCTTTGGCCTG	900
Db	841	CTGGGCTACTGGTTGGTTCGAGTGTCAACCTTTTGTGTATGTCTATCTTTGGCCTG	900
QY	901	TCCCTGTATGTGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACAAATACACAAATCCTGACCAATTG	960
Db	901	TCCCTGTATGTGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACAAATACACAAATCCTGACCAATTG	960
QY	961	CTGGCAGGATPACAGGTTATCTATATGTTTCTTCCACTTGCGCTACACGAGCGCTGGTG	1020
Db	961	CTGGCAGGATPACAGGTTATCTATATGTTTCTTCCACTTGCGCTACACGAGCGCTGGTG	1020
QY	1021	TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTATATCTTCACACCCCTTCAA	1080
Db	1021	TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTATATCTTCACACCCCTTCAA	1080
QY	1081	TTGGACTGTGACGACCTCTTCTTGGCTGAGACCAATGATTTTGTATGGGCGCTCTGT	1140
Db	1081	TTGGACTGTGACGACCTCTTCTTGGCTGAGACCAATGATTTTGTATGGGCGCTCTGT	1140
QY	1141	GACCTGTACGCGCCCTTGACATTTGTGATGTGATGTGGTGGCGGTATAGTCGGTGA	1200
Db	1141	GACCTGTACGCGCCCTTGACATTTGTGATGTGATGTGGTGGCGGTATAGTCGGTGA	1200
QY	1201	GCTTGTCAAGGCACTGGCTTATTTCAACATAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTACTGGA	1260
Db	1201	GCTTGTCAAGGCACTGGCTTATTTCAACATAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTACTGGA	1260
QY	1261	AGTGGCCACTGGAATAGTCTCGGTTCTTAGGCTTATCGAGTGGATGCGCGCAAGT	1320

Db	1261	AGTGGCCACTGGAATGATCCTGGGTTCTAGGGTTATCGGGTGATGGCGCCAAAGT	1320
QY	1321	CGAGGCTCTCAATCTTCTTGACCAAACTGGCTTCAACAATGACATACGCTATTTGCGACAT	1380
Db	1321	CGAGGCTCTCAATCTTCTTGACCAAACTGGCTTCAACAATGACATACGCTATTTGCGACAT	1380
QY	1381	GTTTAGCAGTGCATCACTACCTGGGTTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGCAA	1440
Db	1381	GTTTAGCAGTGCATCACTACCTGGGTTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGCAA	1440
QY	1441	GTGGATAGTGTGCTCCAGGCGTTAGCTTTACATGAAACGACCTTGGAAACCCAT	1500
Db	1441	GTGGATAGTGTGCTCCAGGCGTTAGCTTTACATGAAACGACCTTGGAAACCCAT	1500
QY	1501	CAGGATGCCCACTGGATGCTCAATAGCTGATTTTGGCTCGGCTTGTGATGATACCATGTC	1560
Db	1501	CAGGATGCCCACTGGATGCTCAATAGCTGATTTTGGCTCGGCTTGTGATGATACCATGTC	1560
QY	1561	TTGGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTGTGCAAAAGTCATTTGTTACAGTCCAAAGTGAC	1620
Db	1561	TTGGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTGTGCAAAAGTCATTTGTTACAGTCCAAAGTGAC	1620
QY	1621	CAGGCTATCACTCTAGAGTAACTCAATCTTGTGTAACCCCTATACAAATCCCTGG	1680
Db	1621	CAGGCTATCACTCTAGAGTAACTCAATCTTGTGTAACCCCTATACAAATCCCTGG	1680
QY	1681	TGCGAGGGGATGATATGTTAAATTCAAAAATPACACATGGGGTGTGCGGTATTCGCAA	1740
Db	1681	TGCGAGGGGATGATATGTTAAATTCAAAAATPACACATGGGGTGTGCGGTATTCGCAA	1740
QY	1741	TGTGCACTGTACTGCACATATGGGCACTGATGACGTGTGAAACGACACTGCGAACATTA	1800
Db	1741	TGTGCACTGTACTGCACATATGGGCACTGATGACGTGTGAAACGACACTGCGAACATTA	1800
QY	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGGCTPACACCGCATGSGACAAAGGCTTACGCCCTGAA	1860
Db	1801	CGAAGCAATGCGGTGTAAACCAATGGCTPACACCGCATGSGACAAAGGCTTACGCCCTGAA	1860
QY	1861	ATTGAGCTATATTAACAATACCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC	1920
Db	1861	ATTGAGCTATATTAACAATACCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC	1920
QY	1921	AGGCACTTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGTGAA	1980
Db	1921	AGGCACTTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGTGAA	1980
QY	1981	TTCCACATCTCTACCAACCGAAGAGTGGGTAGTGTGCGGATACCCCACTGTGTGACG	2040
Db	1981	TTCCACATCTCTACCAACCGAAGAGTGGGTAGTGTGCGGATACCCCACTGTGTGACG	2040
QY	2041	TGTTCTTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAGACCTAGCACAGG	2100
Db	2041	TGTTCTTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAGACCTAGCACAGG	2100
QY	2101	ATTGATCAACCAAGACAAAGCTGTGAAAAATATCAAGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC	2160
Db	2101	ATTGATCAACCAAGACAAAGCTGTGAAAAATATCAAGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC	2160
QY	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTTACACCAAGGCGGTGTGTCTAATCTGTGGGGTGTGTGG	2220
Db	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTTACACCAAGGCGGTGTGTCTAATCTGTGGGGTGTGTGG	2220
QY	2221	CAGCAAGATCTTATTTTAAAGCTTACCTGTACTTCTCCCTTGTGTTTGGGCGCGCTTC	2280
Db	2221	CAGCAAGATCTTATTTTAAAGCTTACCTGTACTTCTCCCTTGTGTTTGGGCGCGCTTC	2280
QY	2281	TGATTACCCCTTGGGCTGTGTCTCCCATCCAGTGTATCTCCAAAGCTGGCTGGAGATGT	2340
Db	2281	TGATTACCCCTTGGGCTGTGTCTCCCATCCAGTGTATCTCCAAAGCTGGCTGGAGATGT	2340
QY	2341	TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTTTCTGTTGATTTTCTCATCTGTGTGCTATCTCG	2400
Db	2341	TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTTTCTGTTGATTTTCTCATCTGTGTGCTATCTCG	2400

Db 2341 TTTGTCTAAGCTCAAGTAGCTCTTTTGCTTGAATTTCTTCATCTGTTGCTATCTCCG 2400
Qy 2401 CTGCAGGCTACGTTATGCTGCCCCCTTTTAGGGTTTGTGCCATGCGCTGCGGCTTGCCCT 2460
Db 2401 CTGCAGGCTACGTTATGCTGCCCCCTTTTAGGGTTTGTGCCATGCGCTGCGGCTTGCCCT 2460
Qy 2461 AACTTCTTTGTTGAGCAGCGCTGCCCCAACAAATTATGACTGGTGGTGGAGCTGCT 2520
Db 2461 AACTTCTTTGTTGAGCAGCGCTGCCCCAACAAATTATGACTGGTGGTGGAGCTGCT 2520
Qy 2521 AGTGCAGGGTTAGTTTTGTGGCCGGCCGTACACGTGTGCTACCGCATAGCTCTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGCAGGGTTAGTTTTGTGGCCGGCCGTACACGTGTGCTACCGCATAGCTCTGCTGT 2580
Qy 2581 AGGTCTTGAGCTCTGTGAGCGCTTTTAAACCTCTTTCGATTTTGTGACGCTGCTTACG 2640
Db 2581 AGGTCTTGAGCTCTGTGAGCGCTTTTAAACCTCTTTCGATTTTGTGACGCTGCTTACG 2640
Qy 2641 TTTTGAACCGAGATTAATGGAGGGGCTGACAATACACCTGTAGTAGCATTAAGTTGTCT 2700
Db 2641 TTTTGAACCGAGATTAATGGAGGGGCTGACAATACACCTGTAGTAGCATTAAGTTGTCT 2700
Qy 2701 GTCTCGTTTGGCTTCTTGTCTCACTTGTACTGCTGCTGCTTTAGTTAACTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTCGTTTGGCTTCTTGTCTCACTTGTACTGCTGCTGCTTTAGTTAACTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGGTTTTGAAACGTTACACTAAGACCGGAGAGGTTTTTCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGGTTTTGAAACGTTACACTAAGACCGGAGAGGTTTTTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGGTCCGACATATGACGGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGGTCCGACATATGACGGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTA 2880
Qy 2881 CCTAGCTCTTATGTTTAAACATCCAGTGCAGCATGTTCTTTGGAGCTGACTAGGCT 2940
Db 2881 CCTAGCTCTTATGTTTAAACATCCAGTGCAGCATGTTCTTTGGAGCTGACTAGGCT 2940
Qy 2941 TTAGGCCCAATGATTTGTGTGCTGCGAAAGTGTCAATGCTTGTGATTTCTCATATAT 3000
Db 2941 TTAGGCCCAATGATTTGTGTGCTGCGAAAGTGTCAATGCTTGTGATTTCTCATATAT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCCCTTATGTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCCCTTATGTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3060
Qy 3061 TGGTATGCTTGTGCTTAATGATTTTGTCTGAAACTACATTCGTAAGACCAATTTTCCC 3120
Db 3061 TGGTATGCTTGTGCTTAATGATTTTGTCTGAAACTACATTCGTAAGACCAATTTTCCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAAAGACGCTTGGCTGTGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAAAGACGCTTGGCTGTGGAGAC 3180
Qy 3181 GGTGATGTTTGTGCTGTTGTGCTGCTGCGGACCTTGTGCTGAGGGTTACTAT 3240
Db 3181 GGTGATGTTTGTGCTGTTGTGCTGCTGCGGACCTTGTGCTGAGGGTTACTAT 3240
Qy 3241 GCGGACAGATGGGTGGGCAATTACCGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGTAAGTGTG 3300
Db 3241 GCGGACAGATGGGTGGGCAATTACCGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGTAAGTGTG 3300
Qy 3301 CACGCTGTGAGCATGGAGTGTGCTGATGCTGGTATAGAACCCCGAACTTGGACTGGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTGAGCATGGAGTGTGCTGATGCTGGTATAGAACCCCGAACTTGGACTGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAATTAAGATCTCTGGGCACTAGCTACATGAGATTTGTTGTAACAACGTTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAATTAAGATCTCTGGGCACTAGCTACATGAGATTTGTTGTAACAACGTTGT 3420
Qy 3421 GTATATGCTCACTATGAGCAAGAGGAGCGCCGGTTGGCTCATCCACAGGCTCATATACA 3480
Db 3421 GTATATGCTCACTATGAGCAAGAGGAGCGCCGGTTGGCTCATCCACAGGCTCATATACA 3480

Qy 3481 CCCAATAACCGTTGACGGGCTTAATGACAGGACATCTATCAACCAACCATGTGGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATAACCGTTGACGGGCTTAATGACAGGACATCTATCAACCAACCATGTGGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTCGGCTCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTATAACGACTGGGCTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTCGGCTCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTATAACGACTGGGCTC 3600
Qy 3601 ATTTGTTAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGGGCCCCCTTCCAT 3660
Db 3601 ATTTGTTAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGGGCCCCCTTCCAT 3660
Qy 3661 GGGCTTTCGCAAGGGTTCTTGAAGTCCCGGATTCCTGTGCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Db 3661 GGGCTTTCGCAAGGGTTCTTGAAGTCCCGGATTCCTGTGCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Qy 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGCGGGTTCACTCACTCAGATTAGGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGCGGGTTCACTCACTCAGATTAGGGTTAGCCGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGTGATACATCCCACTGACACAGCACTGCTTGTATCAAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGATACATCCCACTGACACAGCACTGCTTGTATCAAAACCTTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAACGATATTGAGTGCAAATTTTATTTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGATATTGAGTGCAAATTTTATTTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTTACACTTCTTACATGACAGAGAGATGATGATCTTGTGCTTAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTTACACTTCTTACATGACAGAGAGATGATGATGATCTTGTGCTTAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGGTCAACAGCATTAATGCCAAAGTACATGACCGGATCGGGTGAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGGTCAACAGCATTAATGCCAAAGTACATGACCGGATCGGGTGAATCCAAATTTG 4020
Qy 4021 CTATTTTAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGATACAGACATATGGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGATACAGACATATGGCAT 4080
Qy 4081 GTACTGACCGGAGATGTTCCCGGAATATGATGATATCATTTTGTGAGGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACTGACCGGAGATGTTCCCGGAATATGATGATATCATTTTGTGAGGAATGCCATGC 4140
Qy 4141 TACCATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAAGTTCTTAACCGAAGCTTCCAAAAA 4200
Db 4141 TACCATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAAGTTCTTAACCGAAGCTTCCAAAAA 4200
Qy 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCAACGGCTACCCCCCTGGAGTTAATCCTTACACCATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCAACGGCTACCCCCCTGGAGTTAATCCTTACACCATGC 4260
Qy 4261 CAACATTAATCTGATTAATTAACGATGAAGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATTAATCTGATTAATTAACGATGAAGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTTACAAAAACAATG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTTACAAAAACAATG 4380
Qy 4381 TGAATGACTTGTCTAAGAGATGTTGCTGAAAGGAAATTAACAGCTGTCTTACTATAGGG 4440
Db 4381 TGAATGACTTGTCTAAGAGATGTTGCTGAAAGGAAATTAACAGCTGTCTTACTATAGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGTATGTTGCACTGATGCCCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGTATGTTGCACTGATGCCCTTGTG 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACTGGTGAATTTGATTCGCTGTATGACTGACGCTCATGTATAGAGGCAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGGTGAATTTGATTCGCTGTATGACTGACGCTCATGTATAGAGGCAC 4560

QY 4561 ATGCATGTTGACCTTGAACCTTACTTTGACCAATGGGTGTCTGTGTGTCGGGGTTTCAGC 4620
Db 4561 ATGCATGTTGACCTTGAACCTTACTTTGACCAATGGGTGTCTGTGTGTCGGGGTTTCAGC 4620
QY 4621 AATGTTAAAGGCCGCTAGGGGGCCGACAGCCGCTGGAGAGCTGGCATATACTACTA 4680
Db 4621 AATGTTAAAGGCCGCTAGGGGGCCGACAGCCGCTGGAGAGCTGGCATATACTACTA 4680
QY 4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTGGGTATGGTTCCTGAATGCAACATTTGTTGAAGCCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTGGGTATGGTTCCTGAATGCAACATTTGTTGAAGCCTT 4740
QY 4741 CGAGCGACCCAAAGGCTATGTTGTTTCTATCAACAGAGCTCAAACTATTTGAGAC 4800
Db 4741 CGAGCGACCCAAAGGCTATGTTGTTTCTATCAACAGAGCTCAAACTATTTGAGAC 4800
QY 4801 CTATGCAACCCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCAACCCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
QY 4861 CTTTCTATGTTGCAACCCGGAACCTTCAATTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGTTGCAACCCGGAACCTTCAATTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGTAAGTGAAGCCCACTAATCTGTGATCATGATAGGCTATGCTGCTCC 4980
Db 4921 TTATGTTTGTGTAAGTGAAGCCCACTAATCTGTGATCATGATAGGCTATGCTGCTCC 4980
QY 4981 CAATGACCCACACGCTGGGAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACCTTGTGGGTTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGACCCACACGCTGGGAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACCTTGTGGGTTCTGTG 5040
QY 5041 GCGCTTGGACGGGCTGACGCTGTCTGTGCGCCAGAGCCGAGGAGTGAACAGATACCA 5100
Db 5041 GCGCTTGGACGGGCTGACGCTGTCTGTGCGCCAGAGCCGAGGAGTGAACAGATACCA 5100
QY 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGAGACGCGCACTCGCTGTGGCTTGGAGT 5160
Db 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGAGACGCGCACTCGCTGTGGCTTGGAGT 5160
QY 5161 GGGTATGCTTATCTAGCATTTGACATCTTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCTTGTGCTGTC 5220
Db 5161 GGGTATGCTTATCTAGCATTTGACATCTTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCTTGTGCTGTC 5220
QY 5221 TATTGATCAAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGTGGTGAACGAAGAATCGT 5280
Db 5221 TATTGATCAAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGTGGTGAACGAAGAATCGT 5280
QY 5281 GAGAGAGTGTGCATCTTCAATCTTGTGGAGGCGCATGGTGTGCAATCGATAGCTGAA 5340
Db 5281 GAGAGAGTGTGCATCTTCAATCTTGTGGAGGCGCATGGTGTGCAATCGATAGCTGAA 5340
QY 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCTTTTCACTTGGAAAACCGCCCTTGAACCACTTAAAC 5400
Db 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCTTTTCACTTGGAAAACCGCCCTTGAACCACTTAAAC 5400
QY 5401 CTTTCTTGGGCTCATGAGCTTACATCTTGTATCATAGATATTGCTGTGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCTCATGAGCTTACATCTTGTATCATAGATATTGCTGTGTTAGT 5460
QY 5461 CACTTTACCTGACAAATCCCTTGTGATGAGGTTTGTCTTCAATGCGGATATTACTAC 5520
Db 5461 CACTTTACCTGACAAATCCCTTGTGATGAGGTTTGTCTTCAATGCGGATATTACTAC 5520
QY 5521 CCCACTACCTGACAAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGGAGGCGCAATTTGCTCAA 5580
Db 5521 CCCACTACCTGACAAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGGAGGCGCAATTTGCTCAA 5580
QY 5581 GCTTACAGAGGCTTGAAGGCGCATGCGGCTTATGATGAGGCGGAGGAAACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGAGGCTTGAAGGCGCATGCGGCTTATGATGAGGCGGAGGAAACAGCTCT 5640
QY 5641 TGTGATCATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGCTC 5700

Db 5641 TGTGATCATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGCTC 5700
QY 5701 ATCCAGCTTGTGCTTGAACATTTAAATGCTTATGATGGGTAGGCGCCCATATGATCAGT 5760
Db 5701 ATCCAGCTTGTGCTTGAACATTTAAATGCTTATGATGGGTAGGCGCCCATATGATCAGT 5760
QY 5761 TGTGTTTGTAGTCACTCCGCTTCAATCCGCGCAGAGGATGTTGGGCGTCTTGTGAC 5820
Db 5761 TGTGTTTGTAGTCACTCCGCTTCAATCCGCGCAGAGGATGTTGGGCGTCTTGTGAC 5820
QY 5821 TTGTGCAATGTTTCTTTGACACAGCAGGCGCCAGATCACTGCGCCAAACAGCTTTTAC 5880
Db 5821 TTGTGCAATGTTTCTTTGACACAGCAGGCGCCAGATCACTGCGCCAAACAGCTTTTAC 5880
QY 5881 TATGCTTGTAGAGACCACTGTATGTAAATGATGATCTTTATTTGCTACTCTGTGACATCG 5940
Db 5881 TATGCTTGTAGAGACCACTGTATGTAAATGATGATCTTTATTTGCTACTCTGTGACATCG 5940
QY 5941 CAGAGATATCTGGGCAATTTGAGAGGATCTAACCCCTGAGAGTGCATATCAGTTGAT 6000
Db 5941 CAGAGATATCTGGGCAATTTGAGAGGATCTAACCCCTGAGAGTGCATATCAGTTGAT 6000
QY 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATTTGGGCTCAATTTGCTGGGCTTGAAGAT 6060
Db 6001 CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATTTGGGCTCAATTTGCTGGGCTTGAAGAT 6060
QY 6061 TTGGCATATGTTGCAATTTCTTTGATTTGCTTTAATGTCTTAAAGTGAAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCATATGTTGCAATTTCTTTGATTTGCTTTAATGTCTTAAAGTGAAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCATGTTAAACATTTCTGGTGTCTCTTCTTCAAGCTGCGCAGAGGGGTCAAGAGGCC 6180
Db 6121 GAGCATGTTAAACATTTCTGGTGTCTCTTCTTCAAGCTGCGCAGAGGGGTCAAGAGGCC 6180
QY 6181 GAGTATGATACATTTCTGTGTTCTGTTCTTCTTCAAGCTGCGCAGAGGGGTCAAGAGGCC 6180
Db 6181 GAGTATGATACATTTCTGTGTTCTGTTCTTCTTCAAGCTGCGCAGAGGGGTCAAGAGGCC 6180
QY 6241 TGTGAGAAATGTTTTCGAAAACCTTTCAGAAAGACCCAGAACTTGTCAATTTACTGAG 6300
Db 6241 TGTGAGAAATGTTTTCGAAAACCTTTCAGAAAGACCCAGAACTTGTCAATTTACTGAG 6300
QY 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGGTGAGCCGACCCCACTGATG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGGTGAGCCGACCCCACTGATG 6360
QY 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGGCGTTAGGGACTAAGTAAATATGAGAAATGGAG 6420
Db 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGGCGTTAGGGACTAAGTAAATATGAGAAATGGAG 6420
QY 6421 TCACTATTTTGTATACAGCATATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCCAGTGGCGCCAA 6480
Db 6421 TCACTATTTTGTATACAGCATATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCCAGTGGCGCCAA 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGACGTGCGGAGGAGGCGGTACAGGTTCAAGTTATCTAGGAGGCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGACGTGCGGAGGAGGCGGTACAGGTTCAAGTTATCTAGGAGGCCAA 6540
QY 6541 AACTCCTTGGACGACATCTGCTGTGTTACGCTCTGACCGGTAAAGGTTAAACTGTTAA 6600
Db 6541 AACTCCTTGGACGACATCTGCTGTGTTACGCTCTGACCGGTAAAGGTTAAACTGTTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCGGGTGACGCTCAACACTGTGTGTGCGATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCCGGGTGACGCTCAACACTGTGTGTGCGATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
QY 6661 TGCATTTGAGACAAATGATCTGTATTTCAAAACAACTCTCTAGTATGAGGCGGAGT 6720
Db 6661 TGCATTTGAGACAAATGATCTGTATTTCAAAACAACTCTCTAGTATGAGGCGGAGT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTTGTTTTCAACAGAGTTGCGGCGTACAAACCAATTTGCTTGAAGCAATTC 6780

Dh 6721 GTCGCGCTCTGTTTTCAAACAGAGAGTGGGGGCTACAAACCAATTGCTTGAGGCAATTTC 6780
Qy 6781 AGCTGGCGTTGACACCAACCAACCTGACGCCCCCTTCATCGAAGAGTGTGTAAAGAA 6840
Dh 6781 AGCTGGCGTTGACACCAACCAACCTGACGCCCCCTTCATCGAAGAGTGTGTAAAGAA 6840
Qy 6841 GGGCCAGTTCCGGGGCAAGAACTGTGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCCC 6900
Dh 6841 GGGCCAGTTCCGGGGCAAGAACTGTGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCCC 6900
Qy 6901 AGAGGTGATGTCTCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Dh 6901 AGAGGTGATGTCTCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCCTCCTTGACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCCGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Dh 6961 CCCTCCTTGACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCCGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Qy 7021 GTGTAAACCTTTTCACTGCAATTGGATGTGCATGACCGGAAGAGGGGGGCGCTGATGA 7080
Dh 7021 GTGTAAACCTTTTCACTGCAATTGGATGTGCATGACCGGAAGAGGGGGGCGCTGATGA 7080
Qy 7081 TTATCCAGATTACCTCCCAAAAGAGGCTCTCTGATGTGCGAGACGAAGTTGTCGAC 7140
Dh 7081 TTATCCAGATTACCTCCCAAAAGAGGCTCTCTGATGTGCGAGACGAAGTTGTCGAC 7140
Qy 7141 GGCTACAAACGTTTCCAGCTACGTTACTGCCCCCGCTACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Dh 7141 GACTACAAACGCTTCCAGCTACGTTACTGCCCCCGCTACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTCCACTGAGTCAAGCCCCCGCCCAAAAGGCTTCAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Dh 7201 TTCCACTGAGTCAAGCCCCCGCCCAAAAGGCTTCAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Qy 7261 TTCCACTGAGTCAAGCCCCCGCCCAAAAGGCTTCAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7320
Dh 7261 TTCCACTGAGTCAAGCCCCCGCCCAAAAGGCTTCAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTCTTCTCAAAACAAGATCATTTGGTGTATGT 7380
Dh 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTCTTCTCAAAACAAGATCATTTGGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCGCGGGAGTGCAGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTATTAAATAGCAACCTCT 7440
Dh 7381 GACTGAGCGCGGGAGTGCAGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTATTAAATAGCAACCTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAGAGAAAGTTGCTCAAAAGTTGT 7500
Dh 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAGAGAAAGTTGCTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CCGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAAGTAGCACTCAACGCCCTTAAGTCTGTAAATGT 7560
Dh 7501 CCGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAAGTAGCACTCAACGCCCTTAAGTCTGTAAATGT 7560
Qy 7561 CCAATCATCTGGCTTCCGGGGCATGATGTCTTCTGAGAGCGCCGAAAGCTGTCTCT 7620
Dh 7561 CCAATCATCTGGCTTCCGGGGCATGATGTCTTCTGAGAGCGCCGAAAGCTGTCTCT 7620
Qy 7621 GGAATTCAGAAAGTGTGTGAGGCAAGTGAATCCGAGTCACTTATCGGCAAACTGTGAT 7680
Dh 7621 GGAATTCAGAAAGTGTGTGAGGCAAGTGAATCCGAGTCACTTATCGGCAAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTCTTCTGTGAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Dh 7681 AGTTCCAAAGAGAGGTCTTCTGTGAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTGATACCCCACTTGAATGAGATGTGTGAGAAAGTGTATCTACGCTGAGGT 7800
Dh 7741 GCTTATCTGTGATACCCCACTTGAATGAGATGTGTGAGAAAGTGTATCTACGCTGAGGT 7800
Qy 7801 TGCTCTGACGTATGAAGCTGTCAATGGAGATGGCTTGTGTGCAACCAAGTATC 7860
Dh 7801 TGCTCTGACGTATGAAGCTGTCAATGGAGATGGCTTGTGTGCAACCAAGTATC 7860

Qy 7861 CCGTGTCAAGGCTCTGTTGTGCAATGTGTGACCCGATGCAATGGAGCCACATGGGATAC 7920
Dh 7861 CCGTGTCAAGGCTCTGTTGTGCAATGTGTGACCCGATGCAATGGAGCCACATGGGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGGACATCAATCAACACCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Dh 7921 AGTGTGTTTGGACATCAATCAACACCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Qy 7981 AGCAGCTAAACTCACTGACCAACACCGAGCTGGCATTCACACCAATTGCGAGCAATTATA 8040
Dh 7981 AGCAGCTAAACTCACTGACCAACACCGAGCTGGCATTCACACCAATTGCGAGCAATTATA 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGACCGAGATATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCCGAGATATCGAGGTATAGTC 8100
Dh 8041 CGCTGAGAGACCGAGATATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCCGAGATATCGAGGTATAGTC 8100
Qy 8101 TTCCGGCGCTATCTACTCACTCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGCTGAGTGAAGTAAATGC 8160
Dh 8101 TTCCGGCGCTATCTACTCACTCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGCTGAGTGAAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAAACAGGCTGGCATGAAGAACCTGCTTCTTATTGTGGCGGATGATTGCAC 8220
Dh 8161 TGCAGCCGAAACAGGCTGGCATGAAGAACCTGCTTCTTATTGTGGCGGATGATTGCAC 8220
Qy 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCCGGAGAGATGACAAACAAAGCAAGCAATGCGTCTTTGGCTAG 8280
Dh 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCCGGAGAGATGACAAACAAAGCAAGCAATGCGTCTTTGGCTAG 8280
Qy 8281 CTGATGAAGGATGAGGGGTGCACCAAGATGTGTGCTCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Dh 8281 CTGATGAAGGATGAGGGGTGCACCAAGATGTGTGCTCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATCATCTCATCAATGTTAACCTCTGGAATTAACCAAAAGTGGCAAGCTTTA 8400
Dh 8341 AGAATTAACATCATCTCATCAATGTTAACCTCTGGAATTAACCAAAAGTGGCAAGCTTTA 8400
Qy 8401 CTAACTTTCTTAAGAAGATCCCTGATACCCCTTGGCAGGTGCTGCGGAGGGTGTGG 8460
Dh 8401 CTAACTTTCTTAAGAAGATCCCTGATACCCCTTGGCAGGTGCTGCGGAGGGTGTGG 8460
Qy 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGTGATGGGTATCTAAATCATCACTAACCTGTTGTGGGT 8520
Dh 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGTGATGGGTATCTAAATCATCACTAACCTGTTGTGGGT 8520
Qy 8521 TAGCGGTGTGTGCTGTCTCATTTATGAGAGCAATGCTCTTTAGAGACAACTTCCGA 8580
Dh 8521 TAGCGGTGTGTGCTGTCTCATTTATGAGAGCAATGCTCTTTAGAGACAACTTCCGA 8580
Qy 8581 GACGTTGACCTTGACTGGTATGGGAAATTAACGGTGGCTGTGAAGATCTGCCAG 8640
Dh 8581 GACGTTGACCTTGACTGGTATGGGAAATTAACGGTGGCTGTGAAGATCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATCTGTGTGTGACAGTATGAGGCTTCTCGTGTGTGCGCTACCAACGCTGA 8700
Dh 8641 CATCATCTGTGTGTGACAGTATGAGGCTTCTCGTGTGTGCGCTACCAACGCTGA 8700
Qy 8701 GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCCCTGTGAGCCTGGCG 8760
Dh 8701 GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCCCTGTGAGCCTGGCG 8760
Qy 8761 AAAAGAAAGCAAGGCGGTCTGCGCAAGGCGCAAGAGCGGTGGGAGACACAGCAAAATT 8820
Dh 8761 AAAAGAAAGCAAGGCGGTCTGCGCAAGGCGCAAGAGCGGTGGGAGACACAGCAAAATT 8820
Qy 8821 GGCTCGCTTCTTCTCTGTGCAATGCTACATCTGACCTCTTACAGATTTTGGATTAAGAGAG 8880
Dh 8821 GGCTCGCTTCTTCTCTGTGCAATGCTACATCTGACCTCTTACAGATTTTGGATTAAGAGAG 8880
Qy 8881 CGTGCTGGTACACCACTTTCAATTAATGTGATGTTTACTCCCGGAGGGGAGATGTGTT 8940
Dh 8881 CGTGCTGGTACACCACTTTCAATTAATGTGATGTTTACTCCCGGAGGGGAGATGTGTT 8940

	Sequence	Position
QY	8991 TATTACACACAGAGAAATTCGCAAACTTCTGTGAAGATTGGCTGCATGTGTTT	9000
Db	8941 TGTTCACACACAGAGAAATTCGCAAACTTCTGTGAAGATTGGCTGCATGTGTTT	9000
QY	9001 TGCCCTTAGGGCTCATTTGCTGTGTGATTAGCCATCGATGAAACCCCAATTCAAAATTAA	9060
Db	9001 TGCCCTTAGGGCTCATTTGCTGTGTGACTAGCATCGATGAAACCCCAATTCAAAATTAA	9060
QY	9061 CTAAAG---TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATGAGCAGCGGCAACAGGGAGACCCC	9116
Db	9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTATGAGCAGCGGCAACAGGGAGACCCC	9120
QY	9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133	
Db	9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137	

RESULT 15			
AR494275			
LOCUS	9143 bp	DNA	linear
DEFINITION	Sequence 393 from patent US 6,720,166.		PAT 15-MAY-2004

VERSION	AK4942/5.1	G1:4/26/264
KEYWORDS		
SOURCE	unknown.	
REMARKS		

REFERENCE	Unclassified.
AUTHORS	1 (bases 1 to 9143) Simons, J.N., Pilot-M

Desai, S.M., Leary, T.P., Muerhoff, A.S., Erker, J.C., Bujić, S.L. and Mushahwar, I.K.

JOURNAL methods for their use
Patent: US 6720166-A 393 13-APR-2004
Abbott Laboratories; Abbott Park, IL

FEATURES Location/Qualifiers

```

/organism="unknown"
/mol_type="genomic DNA"

```

Query Match	96.4%	Score 9059.8	DB 6	Length 9143
Best Local Similarity	99.6%	Pred. No. 0		
Matches 9096, Conservative	0	Mismatches 37	Indels 4	Gaps 1

Oy	1	ACCACAAACACTCCAGTTTGTAACACTCCGCTGGGAATCGTCGGAGACCCCCCCTAG	60
Db	1	ACCACAAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTGGGAATCGTCGGAGACCCCCCCTAG	60

Db	Qy	61	12
		CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTCGCCCGCTGCAAGAGGTGAGCCAAACCACTTAGTAT	12
		CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTCGCCCGCTGCAAGAGGTGAGCCAAACCACTTAGTAT	12

QY 121 GTAGCGGCGGGACTCATGACGCTCGCGTGATCAAGGCCCAAGCTTGACTTGGATGGC 18

Db 121 GTAGCGGCGGGACTCATGACGCTCGCGTGATCAAGGCCCAAGCTTGACTTGGATGGC 18

Oy	181	CCTGATGGGCCTTCATGGCGTTTGGGTGGCGCTTAGGCAAGCCTCCACGCCACCA	24
Db	181	CCTGATGGGCCTTCATGGCGTTTGGGTGGCGCTTAGGCAAGCCTCCACGCCACCA	24

QY	241	241
CCTCCAGATGAGCGCGCGC	CTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGTCATACCAAGGACG	30
Db	241	30
CCTCCAGATGAGCGCGCGC	CTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGTCATACCAAGGACG	30

QY	301	CAGACCTCTTTTGAGTATCAGCCCTCCGGAGTAGTGTGGCAAGCCCACCTAATTGTGT	36
Dbb	301	CAGACTCTTTTTGAGTATCAGCCCTCCGGAGTAGTGTGGCAAGCCCACCTAATTGTGT	36

Oy	361	TGGGATGGTTGGGGTTAGCCATTCATACCGTACTGCCGTATAGGCTCTTGCGAAGGGAT	42
Dδ	361	TGGGATGGTTGGGGTTAGCCATTCATACCGTACTGCCGTATAGGCTCTTGCGAAGGGAT	42

QY	421	CTGGAGATCTCTAGACCCGTAGC	CATGCTGTTATTTCTACTCAAA	CAAGTCCCTGACC	480
Db	421	CTGGAGATCTCTAGACCCGTAGC	CATGCTGTTATTTCTACTCAAA	CAAGTCCCTGACC	480

481 TGGCCCCAAGACGGCCAGAACAGCAGACGAGCGCTTATCTGTGTCCATTAAAC 540

481 TGGCCCCAAGACGGCCAGAACAGCAGACGAGCGCTTATCTGTGTCCATTAAAC 540

54 ATCTGTGAAAGGAGCAACGAGCAAAAGGCGGATGCTCGGCTCTGTA 600

601 TTTCAAATTCGTCGATCATGATGCGTTGCAGACATTGGCTCAGCGTCTTTGCCAGC 660

Dy
661 TCAATGTTGGGAGCCCAAGACCTTCGCATTAAGTCTCGAACTTGAAATCCTTCGA 720

Db
661 TCAATGTTGGGAGCCCAAGACCTTCGCATTAAGTCTCGAACTTGAAATCCTTCGA 720

67 12111ACCC111GGG1GGAT1GG1GAT1GACAACT1CACACACCT1CTAG1AGGCCCG1GG1 780
 721 TTACCTTTGGGG1GGATTGGTATGTTACACTCACACACCTCTAGTAGGCCCGCTGGT 780

781 GGCAGGAGCGGCTCTTCGACACAGCTGCGCAGATAGTACGCTTGCTGGAGGATGCACTCAA 840
 Db
 781 GGCAGGAGCGGCTCTTCGACACAGCTGCGCAGATAGTACGCTTGCTGGAGGATGCACTCAA 840
 Ky
 781 GGCAGGAGCGGCTCTTCGACACAGCTGCGCAGATAGTACGCTTGCTGGAGGATGCACTCAA 840
 Gt

841 CTGGGCTACTGGTTGGCTTGGCTTCCACCTTTTGTGTGTAATGTCTGCTACTTTGGCCCTG 900

901 TCCCTGTAGTGGGCGCGGGTCAC TGACCAGACA CAATTCCTGACCAATTG 960

501 C T G C A G G T A A C C A G G T A T C A T T G T T C T C C T T C C A C T T G C C T A C A C G A G C C T G G T T G 102

1021 TGTGATCTGGCGGAGCAGAGTGTCTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTCAACACCCCTTCCA 108

1081 TTGGACTGGCAGCGACTCTCTTGGCTGACCAATTGATTTTGTATGGGCGCTTGT 114

1141 GACCTGTACGCCCTTGACATTGCTGAGTGTGCTGCTGTATTAGTCGGGACTG 1200

Db
1201 GCTTGTGAGGCACTGGCTTATTACATAGACCTCAATGAAGAACTGTTACTTACTCTGA 126

Db

1261 AGTGCCTGATAGATCCCTGGGTTTATCGGGTGATGGCCGGCAAGT 1322

1321 CGAGGCTGTCATCTTCTTGACCAACCTGGCTTACAACAAGACCAATGCGATTGCGACATAT 1380

Db 1381 GTTAGCAGTGTACACTAACCTGGCGGCTGTGATCTACTATGCTCTCGGGGCA 144d

Db 1441 GGGGTATCAGTTGCTCCTAGCGCTTATCTTACATAGAACGACCTCTGGAAACCCCTAT 1500

[illegible]

Db 1501 CAGGGGCCCACTGAGTGCCTCAATAGCTAGTTTTCCTGCTTGTATGATACAGTGC 1560
Qy 1561 TTGGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTCAAGAGTCATTGTGTACAGTCCAAAGTGAC 1620
Db 1561 TTGGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTCAAGAGTCATTGTGTACAGTCCAAAGTGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATACCTTAGAATTAACAACCTCCATATCTTGTAACCCCTATACAAATCCCTG 1680
Db 1621 CAGGCTATACCTTAGAATTAACAACCTCCATATCTTGTAACCCCTATACAAATCCCTG 1680
Qy 1681 TGGAGAGGATGATGATGTTAAATTCAAAATAACACATGAGGTTGTGCGATTTGCGAA 1740
Db 1681 TGGAGAGGATGATGATGTTAAATTCAAAATAACACATGAGGTTGTGCGATTTGCGAA 1740
Qy 1741 TGTGCATCTGACTGCACTATGAGGCACTGATGCAGTGTGGAACGACACTCGCAACTTA 1800
Db 1741 TGTGCATCTGACTGCACTATGAGGCACTGATGCAGTGTGGAACGACACTCGCAACTTA 1800
Qy 1801 CGAAGATGCGGTGTAAACACATGAGTAAACCCGATGAGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGATGCGGTGTAAACACATGAGTAAACCCGATGAGCAACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
Qy 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCCATTTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATATGTTACTTTTATGACCTGTGAA 1980
Db 1921 AGGCCATTTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATATGTTACTTTTATGACCTGTGAA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTACACCCGAGAGTGGGTGAGTGGCCCGTACCCCACTGTGTAG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTACACCCGAGAGTGGGTGAGTGGCCCGTACCCCACTGTGTAG 2040
Qy 2041 TGGTCTTGTATCAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTGAATGTAAGAAAGCTTACCCACAG 2100
Db 2041 TGGTCTTGTATCAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTGAATGTAAGAAAGCTTACCCACAG 2100
Qy 2101 ATTGATCACCAAGAACAAAGCCGTGAATAATATCAGGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC 2160
Db 2101 ATTGATCACCAAGAACAAAGCCGTGAATAATATCAGGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTAAGGAGTAAACCAAGGCGGTGTCTAATCTGTGGGTTGTGTG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTAAGGAGTAAACCAAGGCGGTGTCTAATCTGTGGGTTGTGTG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTAATTTAGCTTACCTGTCTTGTCTTGTCTTGTGTGTGTG 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTAATTTAGCTTACCTGTCTTGTCTTGTCTTGTGTGTGTG 2280
Qy 2281 TGGTAACTCTTTCGCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGAGTGGATGT 2340
Db 2281 TGGTAACTCTTTCGCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGAGTGGATGT 2340
Qy 2341 TTTGTCTTAAGCTCAAGTACTCTTTTGTGTGATTTCTTCATCTGTGCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTTAAGCTCAAGTACTCTTTTGTGTGATTTCTTCATCTGTGCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGCTAGTATGCTGCTCCCTTTTGAAGTTTGTGCCATGAGTGGGCTTGCCTT 2460
Db 2401 CTGCAAGCTAGTATGCTGCTCCCTTTTGAAGTTTGTGCCATGAGTGGGCTTGCCTT 2460
Qy 2461 AACCTTCTTGTGTGACAGACTGTGCCAACAATATGATGTGTGGTGTGACTGTCT 2520
Db 2461 AACCTTCTTGTGTGACAGACTGTGCCAACAATATGATGTGTGGTGTGACTGTCT 2520
Qy 2521 AGTGGCAGAGGTATGTTTGTGGGCGGCGCTAACCGTGTCAACGCACTAGCTCTGTGT 2580
Db 2521 AGTGGCAGAGGTATGTTTGTGGGCGGCGCTAACCGTGTCAACGCACTAGCTCTGTGT 2580
Qy 2581 AGGTCTTGGCTCTGTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTGATAGCGCTCTCAG 2640
Db 2581 AGGTCTTGGCTCTGTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTGATAGCGCTCTCAG 2640

Db 2581 AGGTCTTGGCTCTGTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTGATAGCGCTCTCAG 2640
Qy 2641 TTTTATATCCAGATTAATTTGAGGGCTGACAAATACACCTGTATAGATTTAGTGTCTAT 2700
Db 2641 TTTTATATCCAGATTAATTTGAGGGCTGACAAATACACCTGTATAGATTTAGTGTCTAT 2700
Qy 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTCACTGTGTACCTGTGTGTGCTTTAGTTAACTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTCACTGTGTACCTGTGTGTGCTTTAGTTAACTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGTTTGGAGAAATTTGTTTTGAAAGTTTACATAAGACCGAGAGGTTTTCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTTTGGAGAAATTTGTTTTGAAAGTTTACATAAGACCGAGAGGTTTTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTTTCCCCCGGTGCAATATACACGCTGTGACTTCTGTGTGTGTA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTTTCCCCCGGTGCAATATACACGCTGTGACTTCTGTGTGTGTA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAAACATCCAGTGCAGATCGTTCTTGGGACTGACTTAGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAAACATCCAGTGCAGATCGTTCTTGGGACTGACTTAGGT 2940
Qy 2941 TAGGCCCCATAGAAATGTTGTGCGTCTCGAAAGTGCATGCTGTGATTTCTATATGT 3000
Db 2941 TAGGCCCCATAGAAATGTTGTGCGTCTCGAAAGTGCATGCTGTGATTTCTATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTTCTCTTATAGTGTGTGTGAGAAATGTTGTGTTTTCTATAGACCTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTCTCTTATAGTGTGTGTGAGAAATGTTGTGTTTTCTATAGACCTTGA 3060
Qy 3061 TGGTATGCTTGTCTTAATGATTTTGTGCGTGTGAAAGTGCATGCTGTGATTTCTATATGT 3120
Db 3061 TGGTATGCTTGTCTTAATGATTTTGTGCGTGTGAAAGTGCATGCTGTGATTTCTATATGT 3120
Qy 3121 TTTTGAAGCAAGGAGGAGGTTTATAGAAATGAAGAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 3180
Db 3121 TTTTGAAGCAAGGAGGAGGTTTATAGAAATGAAGAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 3180
Qy 3181 GGTGATGTTTGTGCGTGTGTGCGGCTGTGCGGCTGTGCGGCTGTGCGGCTGTGCGGCT 3240
Db 3181 GGTGATGTTTGTGCGTGTGTGCGGCTGTGCGGCTGTGCGGCTGTGCGGCTGTGCGGCT 3240
Qy 3241 GCGGCAAGTGGGTGGGCAATACGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGTG 3300
Db 3241 GCGGCAAGTGGGTGGGCAATACGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGTG 3300
Qy 3301 CAGGCTGTGAGGAGTGTGCTGATGACTGTGTATGAGCCCGAACTTGGACTGGAAC 3360
Db 3301 CAGGCTGTGAGGAGTGTGCTGATGACTGTGTATGAGCCCGAACTTGGACTGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAATTAAGATCTGTGGCACTAGCTAATGAGATTTGTGTGAACAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAATTAAGATCTGTGGCACTAGCTAATGAGATTTGTGTGAACAAGTGT 3420
Qy 3421 GTATACGTCTCAACATGAGCAAGGAGGCGGTTGTGCTATCCCAAGGCTCTATPAC 3480
Db 3421 GTATACGTCTCAACATGAGCAAGGAGGCGGTTGTGCTATCCCAAGGCTCTATPAC 3480
Qy 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACAACATGTGAGCTGT 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACAACATGTGAGCTGT 3540
Qy 3541 GTTCTTACTCGGTGTCTTTTGGGGAGAACAAAGGGGTATCTGTGTAACAGACTGGGTC 3600
Db 3541 GTTCTTACTCGGTGTCTTTTGGGGAGAACAAAGGGGTATCTGTGTAACAGACTGGGTC 3600
Qy 3601 ATTGTTGAGTCAACAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTGCGGCGGCTCTCCAT 3660
Db 3601 ATTGTTGAGTCAACAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTGCGGCGGCTCTCCAT 3660
Qy 3661 GGTGTGTGCAAGGAGTCTTCAAGTGTCCCGATTTCTGTGTCTCTCGGAGCATGTATTTG 3720
Db 3661 GGTGTGTGCAAGGAGTCTTCAAGTGTCCCGATTTCTGTGTCTCTCGGAGCATGTATTTG 3720

QY 3721 GATGTTCAACCGCTGCTAGAAAATTCGCGGGTTCAGTCAATGATTAGGGTTAGCCGTT 3780
DB 3721 GATGTTCAACCGCTGCTAGAAAATTCGCGGGTTCAGTCAATGATTAGGGTTAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGCTGTGATACATCCCAATACACAGCAATGCACTCTTGATCAAAAACCTAC 3840
DB 3781 GGTGTGCTGTGATACATCCCAATACACAGCAATGCACTCTTGATCAAAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTCAAAATTTAAATGCCCCCACTGGCAGCGGCAATGAC 3900
DB 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTCAAAATTTAAATGCCCCCACTGGCAGCGGCAATGAC 3900
QY 3901 CAAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGAAATAGATAGGTCTTGTGCTCTAAATCCCAAGT 3960
DB 3901 CAAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGAAATAGATAGGTCTTGTGCTCTAAATCCCAAGT 3960
QY 3961 GGGTCAACAGATACATGACAGAGAAATAGATAGGTCTTGTGCTCTAAATCCCAAGT 4020
DB 3961 GGGTCAACAGATACATGACAGAGAAATAGATAGGTCTTGTGCTCTAAATCCCAAGT 4020
QY 4021 CTATTTATGGAATGATGACCAACAGAGGCTTCACTTACGTAACAGACATATGCGAT 4080
DB 4021 CTATTTATGGAATGATGACCAACAGAGGCTTCACTTACGTAACAGACATATGCGAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGAACTATGATGATTAATCAATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
DB 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGAACTATGATGATTAATCAATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCATGCAACACCGGTGTTGGGCAATGGAAGGTCTTAAACGAGCTCCATCCAAA 4200
DB 4141 TACCATGCAACACCGGTGTTGGGCAATGGAAGGTCTTAAACGAGCTCCATCCAAA 4200
QY 4201 TGTAGGCTGAGTGTCTTGACAGGCTACCCCGCTGAGTAATCCCTACACCAATGC 4260
DB 4201 TGTAGGCTGAGTGTCTTGACAGGCTACCCCGCTGAGTAATCCCTACACCAATGC 4260
QY 4261 CAACATACTGATTCATTAATCCGATGAAGGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
DB 4261 CAACATACTGATTCATTAATCCGATGAAGGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
QY 4321 TAAGAGAGAAAATCGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTAGGGCTACAAAAAACTG 4380
DB 4321 TAAGAGAGAAAATCGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTAGGGCTACAAAAAACTG 4380
QY 4381 TGATGAGCTGTACGAGTATAGCTCGAAAGGGAATACAGCTGCTTACTATAGGGG 4440
DB 4381 TGATGAGCTGTACGAGTATAGCTCGAAAGGGAATACAGCTGCTTACTATAGGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTCATGATGCTTGTG 4500
DB 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTCATGATGCTTGTG 4500
QY 4501 TACAGGGTACACTGTGTGATTCCTGTGTATGATGTCAGACCTCATGTAGAGGAC 4560
DB 4501 TACAGGGTACACTGTGTGATTCCTGTGTATGATGTCAGACCTCATGTAGAGGAC 4560
QY 4561 ATGCATGTGACCTGACCCCTACCTTACCATGAGGTGTGTGTGTGGGGGTTTCAAC 4620
DB 4561 ATGCATGTGACCTGACCCCTACCTTACCATGAGGTGTGTGTGTGGGGGTTTCAAC 4620
QY 4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTGAAGGGGCGACAGCGCGTGGAGAGCTGGCATATACTACTA 4680
DB 4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTGAAGGGGCGACAGCGCGTGGAGAGCTGGCATATACTACTA 4680
QY 4681 TGTAGACGGAGTGTATCCCTTGGGATGATGTTCTGTAATGCAACATTTGTTGAAGCTT 4740
DB 4681 TGTAGACGGAGTGTATCCCTTGGGATGATGTTCTGTAATGCAACATTTGTTGAAGCTT 4740
QY 4741 CGAGCCAGCCAAAGCATGATGATGTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGAGAC 4800
DB 4741 CGAGCCAGCCAAAGCATGATGATGTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGAGAC 4800

QY 4801 CTATGCAACCCACCTGGGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860
DB 4801 CTATGCAACCCACCTGGGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGCTGATCT 4860
QY 4861 CTTTTCATGATGCAACCCGAACTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
DB 4861 CTTTTCATGATGCAACCCGAACTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
QY 4921 TTATGTTTGTGACTGAGCCCAACTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
DB 4921 TTATGTTTGTGACTGAGCCCAACTGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
QY 4981 CAATGACGACACCGTGGAGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
DB 4981 CAATGACGACACCGTGGAGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
QY 5041 GCGCTTGGAGCGGCTGACCGCTGCTGTGGCCAGAGCCGAGAGGTGACCAATTACCA 5100
DB 5041 GCGCTTGGAGCGGCTGACCGCTGCTGTGGCCAGAGCCGAGAGGTGACCAATTACCA 5100
QY 5101 AATGCTTCACTGAAATCAATCTTGGGAGAGCCGACCTGCTGTTGGGTTGAGT 5160
DB 5101 AATGCTTCACTGAAATCAATCTTGGGAGAGCCGACCTGCTGTTGGGTTGAGT 5160
QY 5161 GGTATGCTTATCTAGCATTTGACATTTGAGGCCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTG 5220
DB 5161 GGTATGCTTATCTAGCATTTGACATTTGAGGCCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTG 5220
QY 5221 TATGTCATGATGCTTACCGGTGCTACTGTGTGCCCCAGTGGTTGACGAAGAAATGCT 5280
DB 5221 TATGTCATGATGCTTACCGGTGCTACTGTGTGCCCCAGTGGTTGACGAAGAAATGCT 5280
QY 5281 GGAGAGGAGCATCATTTCCCTTGGAGGCCATGGTTGCTGAATGCAATGAGCTGA 5340
DB 5281 GGAGAGGAGCATCATTTCCCTTGGAGGCCATGGTTGCTGAATGCAATGAGCTGA 5340
QY 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCTTTCACATTTGAAACCGCCCTTGAATAAATTTAAC 5400
DB 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCTTTCACATTTGAAACCGCCCTTGAATAAATTTAAC 5400
QY 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACATTCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
DB 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACATTCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
QY 5461 CACTTTCCTGACAAATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
DB 5461 CACTTTCCTGACAAATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
QY 5521 CCCACTCCTCACAAATGATCAAAATGTTCTGTCTATATTTGAGAGCGCAATTTGCTCAA 5580
DB 5521 CCCACTCCTCACAAATGATCAAAATGTTCTGTCTATATTTGAGAGCGCAATTTGCTCAA 5580
QY 5581 GCTTACAGAGGCTAGAGGCGCACTGGCGTTCATATGAGCGGGCTGCGGGAACAGCTCT 5640
DB 5581 GCTTACAGAGGCTAGAGGCGCACTGGCGTTCATATGAGCGGGCTGCGGGAACAGCTCT 5640
QY 5641 TGTGACATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
DB 5641 TGTGACATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
QY 5701 ATCCACTGCTTGTGACATTTAAATGCTGATGGTGAAGTGGCCCACTATGATGATGATG 5760
DB 5701 ATCCACTGCTTGTGACATTTAAATGCTGATGGTGAAGTGGCCCACTATGATGATGATG 5760
QY 5761 TGTGTTTGTGATCTCCCGGTTCAATCCGCGCGAGAGTGTGGGCGTCTTGTGACG 5820
DB 5761 TGTGTTTGTGATCTCCCGGTTCAATCCGCGCGAGAGTGTGGGCGTCTTGTGACG 5820
QY 5821 TTTGTCATGTTTGTGCTTGAACAAGAGAGGCGCACTGCGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
DB 5821 TTTGTCATGTTTGTGCTTGAACAAGAGAGGCGCACTGCGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
QY 5881 TATGCTTGTAGAGCAACACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940

|||||
Db 5881 TATGCTGTAGAGGACACAGTATGATATGATCTTTATTTGCCACTCGTAGACATCCG 5940
|||||
Qy 5941 CAGGAAGATACGTGGGCACTTCTGGAGCATCTACCCCTGAGTGTATATCAGCTTGCAT 6000
|||||
Db 5941 CAGGAAGATACGTGGGCACTTCTGGAGCATCTACCCCTGAGTGTATATCAGCTTGCAT 6000
|||||
Qy 6001 CGGTGGCTCCACACCCCGACGAGGATGATTTGCCGCTCATTTGCTTGGGGCTAGAGAT 6060
|||||
Db 6001 CGGTGGCTCCACACCCCGACGAGGATGATTTGCCGCTCATTTGCTTGGGGCTAGAGAT 6060
|||||
Qy 6061 TTGGCAGTATGATGATGATTTCTTTGTGATTTGCTTTAATGTCCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6061 TTGGCAGTATGATGATTTCTTTGTGATTTGCTTTAATGTCCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCAGTATGATGATTTCTTTGTGATTTGCTTTAATGTCCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6121 GAGCATGATTAACATTCCTGCTTGTCTTTCTACAGCTGCAGAGGGGTTCAAGGGCCC 6180
6121 GAGCATGATTAACATTCCTGCTTGTCTTTCTACAGCTGCAGAGGGGTTCAAGGGCCC 6180
Db 6121 GAGCATGATTAACATTCCTGCTTGTCTTTCTACAGCTGCAGAGGGGTTCAAGGGCCC 6180
6181 CTGGATTTGATCGATGATGCTCCAGACAGCTGCTCATGCGGCTGAACTCATCTTTTC 6240
6181 CTGGATTTGATCGATGATGCTCCAGACAGCTGCTCATGCGGCTGAACTCATCTTTTC 6240
Qy 6181 CTGGATTTGATCGATGATGCTCCAGACAGCTGCTCATGCGGCTGAACTCATCTTTTC 6240
6241 TGTGAGAAATGATTTGCAAACTTTACAAAGGACCCAGAACTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
6241 TGTGAGAAATGATTTGCAAACTTTACAAAGGACCCAGAACTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
Db 6241 TGTGAGAAATGATTTGCAAACTTTACAAAGGACCCAGAACTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
6301 AGGGGCTGTTCCAGTCACAGCTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6360
6301 AGGGGCTGTTCCAGTCACAGCTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCACAGCTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 6360
6361 GACTATCTTGTGCTCAATTAATGCGTTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGGGAGA 6420
6361 GACTATCTTGTGCTCAATTAATGCGTTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGGGAGA 6420
Qy 6361 GACTATCTTGTGCTCAATTAATGCGTTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGGGAGA 6420
6421 TCACATTTTGTGATCAGCAGATCTCTCCAAATGTCGTTTCACCCAGGTGCCCAAC 6480
6421 TCACATTTTGTGATCAGCAGATCTCTCCAAATGTCGTTTCACCCAGGTGCCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTGATCAGCAGATCTCTCCAAATGTCGTTTCACCCAGGTGCCCAAC 6480
6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGATTAATGAGTGAACCCAA 6540
6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGATTAATGAGTGAACCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGATTAATGAGTGAACCCAA 6540
6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGATTAATGAGTGAACCCAA 6540
Qy 6481 CTTGAGAGCTGCACTGCGGCTGAGCGGCTGACAGGTTCACTGATTAATGAGTGAACCCAA 6540
6541 AACTCCTTGAGACACATCTGCTGCTGTTACCGGCTGCTGAGCGGTAAGGTAATCTGTAA 6600
6541 AACTCCTTGAGACACATCTGCTGCTGTTACCGGCTGCTGAGCGGTAAGGTAATCTGTAA 6600
Db 6541 AACTCCTTGAGACACATCTGCTGCTGTTACCGGCTGCTGAGCGGTAAGGTAATCTGTAA 6600
6601 GCTTCCCTTCCGGCTGAGCGGTCAACACCTGCTGCGATGCCATCTTAATTTGGGTGA 6660
6601 GCTTCCCTTCCGGCTGAGCGGTCAACACCTGCTGCGATGCCATCTTAATTTGGGTGA 6660
Qy 6601 GCTTCCCTTCCGGCTGAGCGGTCAACACCTGCTGCGATGCCATCTTAATTTGGGTGA 6660
6661 TGCACCTTGAGACAAATGATGTAATTCACAAACAACTCTGATGATGAGACCCGAGT 6720
6661 TGCACCTTGAGACAAATGATGTAATTCACAAACAACTCTGATGATGAGACCCGAGT 6720
Db 6661 TGCACCTTGAGACAAATGATGTAATTCACAAACAACTCTGATGATGAGACCCGAGT 6720
6721 GTCCGCTCTGTTTAAAGAGATGCGGCTGTAACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
6721 GTCCGCTCTGTTTAAAGAGATGCGGCTGTAACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
Qy 6721 GTCCGCTCTGTTTAAAGAGATGCGGCTGTAACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
6721 GTCCGCTCTGTTTAAAGAGATGCGGCTGTAACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTGTTTAAAGAGATGCGGCTGTAACAAACCAATGCTTGAAGCAATTC 6780
6781 AGCTGGGTTGACACCACTGCAAGCCCTCATGAGAGAGTGTGTAAGAAA 6840
6781 AGCTGGGTTGACACCACTGCAAGCCCTCATGAGAGAGTGTGTAAGAAA 6840
Qy 6781 AGCTGGGTTGACACCACTGCAAGCCCTCATGAGAGAGTGTGTAAGAAA 6840
6841 GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGATGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTTCC 6900
6841 GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGATGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTTCC 6900
Db 6841 GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGATGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTTCC 6900
6901 AGAGAGTCAATGCTGTAAGAGCTGCAAGAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAACCT 6960
6901 AGAGAGTCAATGCTGTAAGAGCTGCAAGAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAACCT 6960
Qy 6901 AGAGAGTCAATGCTGTAAGAGCTGCAAGAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAACCT 6960
6961 CCCTCTTCAACCACTGTTTACAGTGGCATGCGGATGCCCTGTTGGAGACGGGTGA 7020
6961 CCCTCTTCAACCACTGTTTACAGTGGCATGCGGATGCCCTGTTGGAGACGGGTGA 7020

Db 6961 CCCTCTTCAACCACTGTTTACAGTGGCATGCGGATGCCCTGTTGGAGACGGGTGA 7020
7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTAATGACCCGAAACAGGCGAGGCTGTATGA 7080
Qy 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTAATGACCCGAAACAGGCGAGGCTGTATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTAATGACCCGAAACAGGCGAGGCTGTATGA 7080
Qy 7081 TTTTACCAGTTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTGTAAATGTCAGACGAAAGTTGTCAG 7140
7081 TTTTACCAGTTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTGTAAATGTCAGACGAAAGTTGTCAG 7140
Db 7081 TTTTACCAGTTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTGTAAATGTCAGACGAAAGTTGTCAG 7140
7141 GGTTCACACCGTTTCAAGTACCTTACGTCGCTCCCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
7141 GGTTCACACCGTTTCAAGTACCTTACGTCGCTCCCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Qy 7141 GGTTCACACCGTTTCAAGTACCTTACGTCGCTCCCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
7201 TTTCACCTAGTAGCCCGCCCAACCGGCTACAAAGAAAGTTGGGAAAGTAGTAT 7260
7201 TTTCACCTAGTAGCCCGCCCAACCGGCTACAAAGAAAGTTGGGAAAGTAGTAT 7260
Db 7201 TTTCACCTAGTAGCCCGCCCAACCGGCTACAAAGAAAGTTGGGAAAGTAGTAT 7260
7261 TTTCGTCAGCATGACCTACACCTGACCGACGTCGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
7261 TTTCGTCAGCATGACCTACACCTGACCGACGTCGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
Qy 7261 TTTCGTCAGCATGACCTACACCTGACCGACGTCGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
7321 TCTGTCGCACTCGGGCCATCATAGTGTCTCTCAAAACAAAGATCATTTGTATAT 7380
7321 TCTGTCGCACTCGGGCCATCATAGTGTCTCTCAAAACAAAGATCATTTGTATAT 7380
Db 7321 TCTGTCGCACTCGGGCCATCATAGTGTCTCTCAAAACAAAGATCATTTGTATAT 7380
7381 GACTAGCCGCGGAGATGCGAGCTTAAGAAACAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7440
7381 GACTAGCCGCGGAGATGCGAGCTTAAGAAACAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7440
Qy 7381 GACTAGCCGCGGAGATGCGAGCTTAAGAAACAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7440
7441 GTTCCCTCATATACCAACAAAGTGAATTTGCTAAAGAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7500
7441 GTTCCCTCATATACCAACAAAGTGAATTTGCTAAAGAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7500
Db 7441 GTTCCCTCATATACCAACAAAGTGAATTTGCTAAAGAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7500
7501 CGGTGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
7501 CGGTGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
Qy 7501 CGGTGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
7501 CGGTGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
Db 7501 CGGTGATGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
7561 CCAACATCAGTGGCTTCCGGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7620
7561 CCAACATCAGTGGCTTCCGGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7620
Qy 7561 CCAACATCAGTGGCTTCCGGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7620
7621 GGAATTTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7680
7621 GGAATTTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7680
Db 7621 GGAATTTGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7680
7681 AGTTCACAAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7740
7681 AGTTCACAAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7740
Qy 7681 AGTTCACAAAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7740
7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7800
7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7800
7801 TGTCTCTGACGTATGATTAAGCTGTACATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7860
7801 TGTCTCTGACGTATGATTAAGCTGTACATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7860
Qy 7801 TGTCTCTGACGTATGATTAAGCTGTACATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7860
7801 TGTCTCTGACGTATGATTAAGCTGTACATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7860
Db 7801 TGTCTCTGACGTATGATTAAGCTGTACATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7860
7861 CCGTGTCAAGCTGCTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
7861 CCGTGTCAAGCTGCTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
Qy 7861 CCGTGTCAAGCTGCTGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACCCGAGATATCAAGTGGAGACAGACATCTTACTC 7980
7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACCCGAGATATCAAGTGGAGACAGACATCTTACTC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACCCGAGATATCAAGTGGAGACAGACATCTTACTC 7980
7981 AGCAGTAAACTCAGTACCAACACCGAGCTGATTTCAACCATTTGCGAGGAGATTAT 8040
7981 AGCAGTAAACTCAGTACCAACACCGAGCTGATTTCAACCATTTGCGAGGAGATTAT 8040
Qy 7981 AGCAGTAAACTCAGTACCAACACCGAGCTGATTTCAACCATTTGCGAGGAGATTAT 8040
7981 AGCAGTAAACTCAGTACCAACACCGAGCTGATTTCAACCATTTGCGAGGAGATTAT 8040
Db 7981 AGCAGTAAACTCAGTACCAACACCGAGCTGATTTCAACCATTTGCGAGGAGATTAT 8040
8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100
8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 8100

Search completed: November 19, 2005, 23:26:08
Job time : 44774 secs

```
QY 8101 TTCCGGCGCTTAATCTACCTCAAGTTCCACAGTTTGACTGTGGCTGAAGTAATGC 8160
DB 8101 TTCCGGCGCTTAATCTACCTCAAGTTCCACAGTTTGACTGTGGCTGAAGTAATGC 8160
QY 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGCATAGAGAACCTTCGCTCTTAATTTGGCGCATGATTCGAC 8220
DB 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGCATAGAGAACCTTCGCTCTTAATTTGGCGCATGATTCGAC 8220
QY 8221 CGTAATTTGAAGAGCGCGCGAGATGACAGACAAACAGCAATGCGTCTTTGCTAG 8280
DB 8221 CGTAATTTGAAGAGCGCGCGAGATGACAGACAAACAGCAATGCGTCTTTGCTAG 8280
QY 8281 CTGATGAAGGTGATGGGTGACCAACAGATTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
DB 8281 CTGATGAAGGTGATGGGTGACCAACAGATTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
QY 8341 AGAATTAACATCATGCTCATCAAAATGTTACCTTGAATTAACAAAGTGGCAAGCTTA 8400
DB 8341 AGAATTAACATCATGCTCATCAAAATGTTACCTTGAATTAACAAAGTGGCAAGCTTA 8400
QY 8401 CTACTTCTTAAGAGATCCCTCGATGCCCTTGGCAGGTGCTCTGCGAGGCTTGGG 8460
DB 8401 CTACTTCTTAAGAGATCCCTCGATGCCCTTGGCAGGTGCTCTGCGAGGCTTGGG 8460
QY 8461 ATACACCCCAAGTGTGCTGAGATTGGGTATCTAATACATCACTAACCATGTTGTGGGT 8520
DB 8461 ATACACCCCAAGTGTGCTGAGATTGGGTATCTAATACATCACTAACCATGTTGTGGGT 8520
QY 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCAATTTCAATGAGCAAGTGTCTTTGAGCAAACTTCCCGA 8580
DB 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCAATTTCAATGAGCAAGTGTCTTTGAGCAAACTTCCCGA 8580
QY 8581 GACGGTGACCTTTGACCTGTATGGGAAATTAACGGTGTGAGAAATCTGCCAG 8640
DB 8581 GACGGTGACCTTTGACCTGTATGGGAAATTAACGGTGTGAGAAATCTGCCAG 8640
QY 8641 CATCATTTGCTGTGACAGGTATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCTACACCAAGCTGA 8700
DB 8641 CATCATTTGCTGTGACAGGTATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCTACACCAAGCTGA 8700
QY 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAAGACATGACATGCCCTGCGAGCTGGCG 8760
DB 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAAGACATGACATGCCCTGCGAGCTGGCG 8760
QY 8761 AAAGAAAGCCAGGGGGGTCTCGCCAGGCGCAAGAGGCTGGCGAGACACGCAAAAT 8820
DB 8761 AAAGAAAGCCAGGGGGGTCTCGCCAGGCGCAAGAGGCTGGCGAGACACGCAAAAT 8820
QY 8821 GGGTGGCTTCTCTCTGGCANTGCTACATCTAGACCTTACCAAGTTTGAATAAGACGAG 8880
DB 8821 GGGTGGCTTCTCTCTGGCANTGCTACATCTAGACCTTACCAAGTTTGAATAAGACGAG 8880
QY 8881 CGTGGCTGGTACACACTTTCAATTAATGATGTTTACTCCCGAGAGGGGGAATGTGT 8940
DB 8881 CGTGGCTGGTACACACTTTCAATTAATGATGTTTACTCCCGAGAGGGGGAATGTGT 8940
QY 8941 TATTACACACAGAGAAATGACAAATTTCTGTGAAGTATTTGGTGTCAATGTTTT 9000
DB 8941 TATTACACACAGAGAAATGACAAATTTCTGTGAAGTATTTGGTGTCAATGTTTT 9000
QY 9001 TGCCCTAGGGCTCATTTGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
DB 9001 TGCCCTAGGGCTCATTTGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
QY 9061 CTAAAG-----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGCGAGCGCAACAGGGGAGACCCC 9116
DB 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGCGCAACAGGGGAGACCCC 9120
QY 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133
DB 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133
QY 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137
DB 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137
```

This Page Blank (uspto)

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: November 19, 2005, 07:34:16 ; Search time 4731 Seconds
(without alignments)
13240.635 Million cell updates/sec

Title: us-09-587-653-2
9399

Perfect score: 1 accacaacactccagcttg.....ccgcgttggaattaaaaact 9399

Sequence: 1 accacaacactccagcttg.....ccgcgttggaattaaaaact 9399

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10'-0', Gapext 1.0

Searched: 4996997 seqs, 3332346308 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 9993994

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

1: Geneseqn21:*
2: geneseqn1980s:*
3: geneseqn1990s:*
4: geneseqn2000s:*
5: geneseqn2001as:*
6: geneseqn2002as:*
7: geneseqn2002bs:*
8: geneseqn2003as:*
9: geneseqn2003bs:*
10: geneseqn2003cs:*
11: geneseqn2003ds:*
12: geneseqn2004as:*
13: geneseqn2004bs:*
14: geneseqn2005s:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	9399	100.0	9399	12	ADJ56732 Genome 1e
2	9399	100.0	9399	12	ADJ64244 GB virus
3	9386.2	99.9	9399	4	AAJ23484 GBV-B vir
4	9329	99.3	9397	9	AAJ77752 Genomic h
5	9118.6	97.0	9139	4	AAJ23485 GBV-B vir
6	9059.8	96.4	9143	2	AAJ00130 Hepatitis
7	9059.8	96.4	9143	3	AAJ5376 Hepatitis
8	9059.8	96.4	9143	3	AAJ5379 Hepatitis
9	9037.4	96.2	9143	3	AAJ59785 Hepatitis
10	8684.6	92.4	8912	3	AAJ55280 Hepatitis
11	8683.4	92.4	8912	2	AAJ00040 Hepatitis
12	8081.6	64.7	8069	2	AAJ77751 Hepatitis
13	4152.6	44.2	4268	2	AAJ00052 Hepatitis
14	4152.6	44.2	4268	2	AAJ55298 Hepatitis
15	449.8	4.8	479	2	AAJ00045 Hepatitis
16	449.8	4.8	479	3	AAJ5378 Hepatitis
17	449.8	4.8	479	3	AAJ55291 Hepatitis
18	319.6	3.4	337	2	AAJ00127 Hepatitis
19	319.6	3.4	337	2	AAJ00049 Hepatitis

C	20	319.6	3.4	337	3	AAJ5371 Hepatitis
C	21	319.6	3.4	337	3	AAJ55295 Hepatitis
C	22	307.8	3.3	362	5	AAJ15946 3' nontra
C	23	307.4	3.3	309	4	AAJ92010 GBV-B 3'X
C	24	297.2	3.2	6018	14	ADJ02788 Hepatitis
C	25	297.2	3.2	6264	14	ADJ02787 Hepatitis
C	26	297.2	3.2	8034	14	ADJ02793 Hepatitis
C	27	279.4	3.0	281	3	AAJ55285 Hepatitis
C	28	279.4	3.0	281	3	AAJ55286 Hepatitis
C	29	278.4	3.0	9405	2	AAJ04026 Full-length
C	30	273.6	2.9	9402	2	AAJ041345 Human hep
C	31	273.2	2.9	9444	2	AAJ13279 CDNA to g
C	32	270.4	2.9	9711	4	AAJ23486 Infectio
C	33	270.4	2.9	9711	5	AAJ086937 Nucleotid
C	34	270.4	2.9	9711	5	AAJ086644 Nucleotid
C	35	269.6	2.9	3564	2	AAJ032442 HCV NS2-N
C	36	265.6	2.8	9589	2	AAJ038218 NANBH vir
C	37	262.4	2.8	3970	2	AAJ038219 NANBH vir
C	38	262.4	2.8	5211	4	AAJ083408 DNA encod
C	39	260.2	2.8	9502	2	AAJ074770 Hepatitis
C	40	257.4	2.7	259	4	AAJ091998 GBV-B 3'X
C	41	256	2.7	8385	13	ADJ06514 Hepatocro
C	42	256	2.7	9609	6	AAJ033038 HCV-S1 fu
C	43	255.6	2.7	9436	2	AAJ063499 Blood tra
C	44	255.4	2.7	9674	14	ADJ04739 Hepatitis
C	45	254.4	2.7	260	12	ADJ56731 3' termin

ALIGNMENTS

RESULT 1	ADJ56732	ADJ56732 standard; cDNA; 9399 BP.
XX	ADJ56732;	
XX	ADJ56732;	
XX	ADJ56732;	
DT	06-MAY-2004	(first entry)
XX	Genome length hepatitis GB virus B CDNA SegID 2.	
DE	GBV-B; GBV-B; HCV; flavivirus; hepatitis C virus; antiviral;	
KW	vaccine; virucidal; antiinflammatory.	
XX	Hepatitis GB virus B.	
OS	Hepatitis GB virus B.	
FT	Key	Location/Qualifiers
FT	stem_loop	4..21
FT	stem_loop	/*cag= a
FT	stem_loop	29..61
FT	stem_loop	/*cag= b
FT	misc_binding	63..73
FT	misc_binding	/*cag= c
FT	stem_loop	/bound_molety= "GBV-B DNA bases 236-226"
FT	stem_loop	81..131
FT	stem_loop	/*cag= d
FT	stem_loop	135..154
FT	stem_loop	/*cag= e
FT	stem_loop	156..218
FT	stem_loop	/*cag= f
FT	stem_loop	226..236
FT	misc_binding	/*cag= g
FT	misc_binding	/bound_molety= "GBV-B DNA bases 73-63"
FT	misc_binding	242..250
FT	misc_binding	/*cag= h
FT	misc_binding	/bound_molety= "GBV-B DNA bases 427-419"
FT	misc_binding	251..257
FT	misc_binding	/*cag= i
FT	misc_binding	/bound_molety= "GBV-B DNA bases 394-388"
FT	misc_binding	258..270
FT	misc_binding	/*cag= j
FT	misc_binding	/bound_molety= "GBV-B DNA bases 362-349"
FT	stem_loop	273..287

FT		/tag= k	
FT	stem_loop	288..337	
FT		/tag= l	
FT	stem_loop	339..348	
FT		/tag= m	
FT	misc_binding	349..362	
FT		/tag= n	
FT	stem_loop	/bound_moiety= "GBV-B DNA bases 270-258"	
FT		363..384	
FT		/tag= o	
FT	misc_binding	388..394	
FT		/tag= p	
FT	stem_loop	/bound_moiety= "GBV-B DNA bases 257-251"	
FT		395..406	
FT		/tag= q	
FT	misc_binding	410..415	
FT		/tag= r	
FT	misc_binding	419..427	
FT		/tag= s	
FT	misc_binding	/bound_moiety= "GBV-B DNA bases 250-242"	
FT		429..434	
FT		/tag= t	
FT	stem_loop	/bound_moiety= "GBV-B DNA bases 415-410"	
FT		435..459	
FT		/tag= u	
PN			
PN	WO2004005498-A1.		
PD			
PD	15-JAN-2004.		
PX			
PX	02-JUL-2003; 2003MO-US021002.		
PX			
PX	03-JUL-2002; 2002US-00189359.		
PR			
XX			
XX	(TEXA) UNIV TEXAS SYSTEM.		
PA	(INSP) INST PASTEUR.		
XX			
PI	Martin A, Sangar DV, Lemon SM, Rijbrand R;		
DR			
DR	WPI; 2004-091362/09.		
PT			
PT	New chimeric GBV-B polynucleotide, useful as a model for hepatitis C		
PT	virus, for identifying compounds active against a viral infection, or for		
PT	developing hepatitis C virus preventive and therapeutic treatments.		
XX			
PS			
XX	Example 22; SEQ ID NO 2; 108bp; English.		
CC			
CC	This invention relates to novel isolated chimeric GB virus B (GBV-B)/HCV		
CC	polynucleotides. Specifically, it refers to using the hepatotropic		
CC	flavivirus GBV-B that has a unique phylogenetic relationship to the human		
CC	hepatitis C virus (HCV) and can serve as a surrogate virus in drug		
CC	discovery efforts related to antiviral drug development. The present		
CC	invention describes the construction of an infectious molecular clone		
CC	using the newly determined 3' terminal sequence of GBV-B. Furthermore,		
CC	the GBV-B/HCV chimera exhibit liver-specific expression and express HCV		
CC	envelope proteins such that they can have utility as a vaccine immunogen		
CC	for hepatitis C. In addition, they can be used for screening compounds		
CC	active against viral infection, as well as for developing HCV		
CC	preventative and therapeutic treatments. Accordingly, these compositions		
CC	exhibit virucidal, anti-inflammatory and hepatotropic activities. This		
CC	polynucleotide sequence is the GBV-B cDNA sequence of the invention.		
XX			
SQ			
SQ	Sequence 9399 BP; 2124 A; 2322 C; 2432 G; 2521 T; 0 U; 0 Other;		
	Query Match 100.0%; Score 9399; DB 12; Length 9399;		
	Best Local Similarity 100.0%; Pred No. 0;		
	Matches 9399; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0		
DY			
DY	1 ACCACAAACATTCGATTGTGTACTCGCGCTNAGATGCTCTGGAGCACCCCCCTTAG 60		
DB	1 ACCACAAACATTCGATTGTGTACTCGCGCTNAGATGCTCTGGAGCACCCCCCTTAG 60		

QY	61	CAGGGCGTGGGGGATTTTCCCTTGCCGCTCTGCGAAGAGGTGAGGCCAACCAACTCTAGTAT	120
Db	61	CAGGGCGTGGGGGGAATTTCCCTTGCCGCTCTGCGAAGAGGTGAGGCCAACCAACTCTAGTAT	120
QY	121	GTAGGGCGGGGACCTCATAGACGGCTCGGTGATGACAAAGGCGCAAGCTTGACTTGGAGTGGC	180
Db	121	GTAGGGCGGGGACCTCATAGAGCGCTCGGTGATGACAAAGGCGCAAGCTTGACTTGGATGGC	180
QY	181	CCTGATGGGGGCTTCATGGGTTCCGGTGGTGGCGCTTTTAGCAGAGCCTCCAGCGCCACCA	240
Db	181	CCTGATGGGGGCTTCATGGGTTCCGGTGGTGGCGCTTTTAGGAGAGCCTCCAGCGCCACCA	240
QY	241	CTTCCCAAGATAGACGGCGGCACTGTAGGGAGAACCGGGGACCGGTACTATACCAAGACG	300
Db	241	CCTCCCAAGATAGAGCGCGGCACTGTAGGGAGAACCGGGGACCGGTACTATACCAAGAGCG	300
QY	301	CAGACCTCTTTTGAAGTATACAGCCTCCGGAAGTATGGGCAAGGCCACTGTAATGTGT	360
Db	301	CAGACCTCTTTTGAAGTATACAGCCTCCGGAAGTATGGGCAAGGCCACTGTAATGTGT	360
QY	361	TGGATGATGGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATPAGGGTCTTTCGAGGGGAT	420
Db	361	TGGATGATGGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATPAGGGTCTTTCGAGGGGAT	420
QY	421	CTGGAGCTCTCTGTAAGACCGTAGACATAGCTCTTATTTTACTCAACAAAGTCTGTACC	480
Db	421	CTGGAGCTCTCTGTAGACCGTAGACATAGCTCTTATTTTACTCAAAACAAGTCTGTACC	480
QY	481	TGCGCCCAAGAACCGCGCAAGAACAGAGAGCGAGGCTCAATCCGTGTCCATTAAC	540
Db	481	TGCGCCCAAGAACCGGCAAGAACAGAGAGCGAGGCTCAATCTGTGTCCATTAAC	540
QY	541	ATCTGTTGAAGGGGAGCAACGAGCAAAAGCCAAAGTCCAGCGCATCTGSCCTCGTAA	600
Db	541	ATCTGTTGAAGGGGAGCAACGAGCAAAAGCCAAAGTCCAGCGCATCTGSCCTCGTAA	600
QY	601	TTACAAATATGCTGTATTCATGATGAGCTTGACAGACATGGCTCAGGCTGTTTGCACG	660
Db	601	TTACAAATATGCTGTATTCATGATGAGCTTGACAGACATGGCTCAGGCTGTTTGCACG	660
QY	661	TCATGCTTGGGGAGCGCCAAAGCCTCGCCATTAATCTTCGCAATCTTGGAAATCCCTTCGGA	720
Db	661	TCATGCTTGGGGAGCGCCAAAGCCTCGCCATTAATCTTCGCAATCTTGGAAATCCCTTCGGA	720
QY	721	TTACCCCTTGGGGTGGATGATGATGTTTAACTACACACACTCTAGTAGGCCCGCTGAT	780
Db	721	TTACCCCTTGGGGTGGATGATGATGTTTAACTACACACACTCTAGTAGGCCCGCTGAT	780
QY	781	GGCAGAGACCGGTCTTGACCAAGTCTGCGAATGTAAGCTTCTGTGAGAGATGAGTCAA	840
Db	781	GGCAGAGACCGGTCTTGACCAAGTCTGCGAATGTAAGCTTCTGTGAGAGATGAGTCAA	840
QY	841	CTGGGCTTACTGGTGGTTCGGGTCTGCACCTTTTGTGTGATGTCTGATCTTTTGGGCTG	900
Db	841	CTGGGCTTACTGGTGGTTCGGGTCTGCACCTTTTGTGTGATGTCTGATCTTTTGGGCTG	900
QY	901	TCCGCTGATGAGGGGCGGGGTCATGTGACCCGACCAACCAATTCGACCAATTCGACCAATTCG	960
Db	901	TCCGCTGATGAGGGGCGGGGTCATGTGACCCGACCAACCAATTCGACCAATTCGACCAATTCG	960
QY	961	CTGCACGCGTATCAGGTTATCTATTTGTTCTCTTCACTTGCCTTACACGAGCGCTGGTGG	1020
Db	961	CTGCACGCGTATCAGGTTATCTATTTGTTCTCTTCACTTGCCTTACACGAGCGCTGGTGG	1020
QY	1021	TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTAACATCTCACACCTTCCAA	1080
Db	1021	TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTAACATCTCACACCTTCCAA	1080
QY	1081	TTGGACTTGGGACGAGACTCTCTTCTGGGCTGACCAATTTGATTTGATAGGGCGCTCTTGT	1140
Db	1081	TTGGACTTGGGACGAGACTCTCTTCTGGGCTGACCAATTTGATTTGATAGGGCGCTCTTGT	1140
QY	1141	GACCTGTGACCGCCCTTGAATTTGGTGTGATGTGTGGTGGCGTGTGTGATTAAGTCGGTGA	1200

```
Db 1141 GACCTGTACGCCCTTGAATTGTGAGTGTGTGTGCTGTGTATTAAGTCGGTGAATG 1200
Qy 1201 GCTTGTACAGGCACTGGCTTATTCATATAGACCTCAATGAATGGTACTTGTATCTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTACAGGCACTGGCTTATTCATATAGACCTCAATGAATGGTACTTGTATCTGGA 1260
Qy 1261 AGTGTCCCACTGGAATAGATCTCTGGGGTCTTAGGGTTTATCGGGTGAATGCGCGCAAGT 1320
Db 1261 AGTGTCCCACTGGAATAGATCTCTGGGGTCTTAGGGTTTATCGGGTGAATGCGCGCAAGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTGGACCAACCTGGCTTACACAACTACCAATACGCTATTTGGACAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTCACTTCTTGGACCAACCTGGCTTACACAACTACCAATACGCTATTTGGACAT 1380
Qy 1381 GTTTAGCAGTGAACACTACCTGCGGGTGGCGCTGTGATCTAATGCTCTCGGGGGCAA 1440
Db 1381 GTTTAGCAGTGAACACTACCTGCGGGTGGCGCTGTGATCTAATGCTCTCGGGGGCAA 1440
Qy 1441 GTGTATCAGTTGCTCTTAGCGCTTATGCTTTACATAGAACGACCTCTGGAACCCAT 1500
Db 1441 GTGTATCAGTTGCTCTTAGCGCTTATGCTTTACATAGAACGACCTCTGGAACCCAT 1500
Qy 1501 CAGGCTGCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTTGTCTGCTTGTGATGATACCATGTCC 1560
Db 1501 CAGGCTGCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTTGTCTGCTTGTGATGATACCATGTCC 1560
Qy 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTGTGAGAAAGTCAATTTGTTCACGTCCAAAGTGGAC 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTGTGAGAAAGTCAATTTGTTCACGTCCAAAGTGGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTAAACATCTCATATCTTGTGTATCCCTATACATCCCTG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTAAACATCTCATATCTTGTGTATCCCTATACATCCCTG 1680
Qy 1681 TGCAGGGGGATGTATGTATTAATTCAAAATAACACATGGGGTGTGCTGCTTATTCGCAA 1740
Db 1681 TGCAGGGGGATGTATGTATTAATTCAAAATAACACATGGGGTGTGCTGCTTATTCGCAA 1740
Qy 1741 TGTGCATCTGACTAGCACTATGGGGCACTAGACAGTGTGGAAGCACTGCGAACACTTA 1800
Db 1741 TGTGCATCTGACTAGCACTATGGGGCACTAGACAGTGTGGAAGCACTGCGAACACTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCATGAGCTAAACACCGCATGCGACACGCGCTCGAG 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCATGAGCTAAACACCGCATGCGACACGCGCTCGAG 1860
Qy 1861 ATTGGCTATATTACATATCCCTGGGTCTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTACATATCCCTGGGTCTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCACTTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCTCTGGA 1980
Db 1921 AGGCACTTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCTCTGGA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTTACCAACCGAGAGGTGAGGTGCGCGTACCCCACTGTGTAGC 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTTACCAACCGAGAGGTGAGGTGCGCGTACCCCACTGTGTAGC 2040
Qy 2041 TTTCACTCTCTTACCAACCGAGAGGTGAGGTGCGCGTACCCCACTGTGTAGC 2040
Db 2041 TTTCACTCTCTTACCAACCGAGAGGTGAGGTGCGCGTACCCCACTGTGTAGC 2040
Qy 2041 TGTGTTCTTGTAGTACGTTTCCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTACGACAG 2100
Db 2041 TGTGTTCTTGTAGTACGTTTCCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTACGACAG 2100
Qy 2101 ATTGATACCAAAAGCAAGGCTGGAATAATATCAAGTCTTATATTCGCGACAGGTC 2160
Db 2101 ATTGATACCAAAAGCAAGGCTGGAATAATATCAAGTCTTATATTCGCGACAGGTC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTACGGAAGTTACCAACCAAGGCGGTGTATTTCTGTTGGGGTGTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGGAAGTTACCAACCAAGGCGGTGTATTTCTGTTGGGGTGTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACCTCTGTACTTGTCTCTTGTGTTGGGCGCGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACCTCTGTACTTGTCTCTTGTGTTGGGCGCGCTTC 2280
Db 2281 TGATTACCTTTGGGCTGTGTCTCCATCCCATGATCTCCAAAGCTGTGGAGAT 2340
Qy 2281 TGATTACCTTTGGGCTGTGTCTCCATCCCATGATCTCCAAAGCTGTGGAGAT 2340
Db 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACTCTTTTGTCTTGAATTTTCTTCAATCTGTCTATCTCG 2400
Qy 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACTCTTTTGTCTTGAATTTTCTTCAATCTGTCTATCTCG 2400
Db 2401 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACTCTTTTGTCTTGAATTTTCTTCAATCTGTCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGAGGCTACGTATAGTACCTGCTTTTGAAGGTTTGTGCCCATATGCTGGGGCTTGCCT 2460
Db 2401 CTGAGGCTACGTATAGTACCTGCTTTTGAAGGTTTGTGCCCATATGCTGGGGCTTGCCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTTGTGACACAGCTGTGCGCAACAGATTAATAGATGTGGGTGCGACTCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTTGTGACACAGCTGTGCGCAACAGATTAATAGATGTGGGTGCGACTCT 2520
Qy 2521 AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGGGCGGCGCTTAAACCTGTGTACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGGGCGGCGCTTAAACCTGTGTACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Qy 2581 AGTCTCTTGGCTCTGTGTACCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTGTATGCTGTACG 2640
Db 2581 AGTCTCTTGGCTCTGTGTACCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTGTATGCTGTACG 2640
Qy 2641 TTTTGAATACGAGATTAATGGAAGGGCTGACAAATACACCTGTAGATTAATGTTGAT 2700
Db 2641 TTTTGAATACGAGATTAATGGAAGGGCTGACAAATACACCTGTAGATTAATGTTGAT 2700
Qy 2701 GTCTGTTTTGTGCTTCTTGTCTCACTTGTATACCTGTGTGTCTTGTATTAATCTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTGTTTTGTGCTTCTTGTCTCACTTGTATACCTGTGTGTCTTGTATTAATCTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGCAACGTTTGGAGAAATGTGTTTGAACGTTTACCTAAGACCGGAGAGCTTTTCT 2820
Db 2761 TTGCAACGTTTGGAGAAATGTGTTTGAACGTTTACCTAAGACCGGAGAGCTTTTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGTGCGACATTAAGACGCGCTGTGTACTTCTGTGTGTGCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGTGCGACATTAAGACGCGCTGTGTACTTCTGTGTGTGCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCAGTACAGTACGCTTCTTTGGAGCTGACTTAAAGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCAGTACAGTACGCTTCTTTGGAGCTGACTTAAAGGT 2940
Qy 2941 TAGGCCCCATAGAAATGTGTGTGTCTGCGAAAGTCAATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
Db 2941 TAGGCCCCATAGAAATGTGTGTGTCTGCGAAAGTCAATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCTCTTAGTGTGTTGTTGGAAGTGTGTGTTTCTATAGCACTTGCA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTTAGTGTGTTGTTGGAAGTGTGTGTTTCTATAGCACTTGCA 3060
Qy 3061 TGTGATGTCCTTGTATGATTTTGTGCTGAAATCTACATTTGCAAGGCAATTTTCCC 3120
Db 3061 TGTGATGTCCTTGTATGATTTTGTGCTGAAATCTACATTTGCAAGGCAATTTTCCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCTTGTGGGTGTGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCTTGTGGGTGTGGAGAC 3180
Qy 3181 GGTGATGTTTGTGCGGTGTGTGGGCTCTGCGGACCTTGTGTCGAGGGTGTGGCTAT 3240
Db 3181 GGTGATGTTTGTGCGGTGTGTGGGCTCTGCGGACCTTGTGTCGAGGGTGTGGCTAT 3240
Qy 3241 GCCGCAAGATGGGTGGGCTATTAACCGACCTTTTATACCTGCAAGTCTCTCTGAACGTGG 3300
Db 3241 GCCGCAAGATGGGTGGGCTATTAACCGACCTTTTATACCTGCAAGTCTCTCTGAACGTGG 3300
Qy 3301 CAGCTGTCAAGCAATGCAATGTGTATGACTGTGTATAGATCCCGGAACCTTGAATGCAAC 3360
Db 3301 CAGCTGTCAAGCAATGCAATGTGTATGACTGTGTATAGATCCCGGAACCTTGAATGCAAC 3360
```

OY	3361	TATCTTCAAGATTAGATCTCTGGCCACTAGCTAATAATGGAAATTTGTTTGACAACGCGTT	3420
Db	3361	TATCTTCAAGATTAGATCTCTGGCCACTAGCTAATAATGGAAATTTGTTTGACAACGCGTT	3420
OY	3421	GTATACTGCTCAACCATGGCAGCAGGGGCGCGGTTGGCTCATCCACAGGCTTTATACA	3480
Db	3421	GTATACTGCTCAACCATGGCAGCAGGGGCGCGGTTGGCTCATCCACAGGCTTTATACA	3480
OY	3481	CCCAATPACCGTTGACCGCGCTAATGACCAAGACATCTATCAACAACCATGTGAGCTGG	3540
Db	3481	CCCAATPACCGTTGACCGCGCTAATGACCAAGACATCTATCAACAACCATGTGAGCTGG	3540
OY	3541	GTCCCTTACTGGGTCCTTGGGGGGAGACCAAGGGGATCTGGTAAACAGACCTGGGGTTC	3600
Db	3541	GTCCCTTACTGGGTCCTTGGGGGGAGACCAAGGGGATCTGGTAAACAGACCTGGGGTTC	3600
OY	3601	ATTGGTTAGGTCACAAACAAATCCGATGACCCCTTATGTGTGTGTGCGGGGCGCTTCCAT	3660
Db	3601	ATTGGTTAGGTCACAAACAAATCCGATGACCCCTTATGTGTGTGTGCGGGGCGCTTCCAT	3660
OY	3661	GGCTGTGCCAAGGTTCTTCAAGTGGCCGCAATCTGTGCTCCCGGGCATGTTATTTGG	3720
Db	3661	GGCTGTGCCAAGGTTCTTCAAGTGGCCGCAATCTGTGCTCCCGGGCATGTTATTTGG	3720
OY	3721	GATGTTACCGCTCTGAATAATTTGCGCGGTTCAAGTCAGATTAAGGTTAGGCGGTT	3780
Db	3721	GATGTTACCGCTCTGAATAATTTGCGCGGTTCAAGTCAGATTAAGGTTAGGCGGTT	3780
OY	3781	GGTGTGTGCTGGATACCAATCCCGAGTACACAGCAATGCCCTGTTGATCAAAAACCTAC	3840
Db	3781	GGTGTGTGCTGGATACCAATCCCGAGTACACAGCAATGCCCTGTTGATCAAAAACCTAC	3840
OY	3841	TGTGCTTACAGAGTATTCAGTGCAGAAATTTTAATTTGCCCCCATCTGGACGGGCAAGTCAAC	3900
Db	3841	TGTGCTTACAGAGTATTCAGTGCAGAAATTTTAATTTGCCCCCATCTGGACGGGCAAGTCAAC	3900
OY	3901	CAAAATTACACTTTTCTTACATGACGAGAGAAATGAGGTCCTTGGTCTTAAATCCCAAGTGT	3960
Db	3901	CAAAATTACACTTTTCTTACATGACGAGAGAAATGAGGTCCTTGGTCTTAAATCCCAAGTGT	3960
OY	3961	GGCTTACACAGCATCAATGATGCCAAGTACATGCAAGCCGATGACGGCGGTAATCCAAATGG	4020
Db	3961	GGCTTACACAGCATCAATGATGCCAAGTACATGCAAGCCGATGACGGCGGTAATCCAAATGG	4020
OY	4021	CTATTTTATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTAACAGCATATGAGCAT	4080
Db	4021	CTATTTTATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTAACAGCATATGAGCAT	4080
OY	4081	GTAACCTGACCGAGCATGTTCGCCGAACTATGATGTATCAATTTGTGACGATGCAATGCATGC	4140
Db	4081	GTAACCTGACCGAGCATGTTCGCCGAACTATGATGTATCAATTTGTGACGATGCAATGCATGC	4140
OY	4141	TACCGATGCAACACCGTGTGGGATTTGAAAGGTCTTAAACCGAAGCTCCATCCAAAAA	4200
Db	4141	TACCGATGCAACACCGTGTGGGATTTGAAAGGTCTTAAACCGAAGCTCCATCCAAAAA	4200
OY	4201	TGTTAGGCTAGTGTGTTCTTGGCACGCGTACCCGCCCTGGAGTAATCCCTTACACACATGC	4260
Db	4201	TGTTAGGCTAGTGTGTTCTTGGCACGCGTACCCGCCCTGGAGTAATCCCTTACACACATGC	4260
OY	4261	CAACCTAACCTGAGATTCAATTAAACGATGAAGGCACTATCCCTTTCATGGAAGAAAAAGAT	4320
Db	4261	CAACCTAACCTGAGATTCAATTAAACGATGAAGGCACTATCCCTTTCATGGAAGAAAAAGAT	4320
OY	4321	TAAAGAGAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTACCAAAAAACATG	4380
Db	4321	TAAAGAGAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTACCAAAAAACATG	4380
OY	4381	TGATGAGCTTGCTAACGATTAAGTCTGAAAGGGAATTAACAGCTGTCTTTATCTATAGGGG	4440
Db	4381	TGATGAGCTTGCTAACGATTAAGTCTGAAAGGGAATTAACAGCTGTCTTTATCTATAGGGG	4440

QY	4441	ATGTGACATCTMAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGATGATGTTGCCATGATGCTGTG	4500
Db	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGCGACTGTGATGATGTTGCCATGATGCTGTG	4500
QY	4501	TACAGGGTACCTGATGACTTTGATTCGGTATGATCTGACAGCTCATGTGTAGAAAGCAC	4560
Db	4501	TACAGGGTACACTGATGACTTTGATTCGGTATGATCTGACAGCTCATGTGTAGAAAGCAC	4560
QY	4561	ATGCCATGTTGACCTTGACCCTTACTTTCAACATGGATGTTCTGTGTGCGGGGTTTGAC	4620
Db	4561	ATGCCATGTTGACCTTGACCCTTACTTTCAACATGGATGTTCTGTGTGCGGGGTTTGAC	4620
QY	4621	AATGTGTTAAAGCCAGCGTGTAGGGGCCACACAGCCCGTGGAGAGCTTGATATATCTA	4680
Db	4621	AATGTGTTAAAGCCAGCGTGTAGGGGCCACACAGCCCGTGGAGAGCTTGATATATCTA	4680
QY	4681	TGTGAGACGGGAGTTGTATCCCTTGCGGTATGTGTTCTGGAATGCAACATTGTGAAGCCT	4740
Db	4681	TGTGAGACGGGAGTTGTATCCCTTGCGGTATGTGTTCTGGAATGCAACATTGTGAAGCCT	4740
QY	4741	CGACGCAAGCCAGGCATGTATGTGTTGTGATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC	4800
Db	4741	CGACGCAAGCCAGGCATGTATGTGTTGTGATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC	4800
QY	4801	CTATTCGACCCCAACCTTGAGTTACTCGGATATGAGACAAATTTGACAGATGGGCTGATCT	4860
Db	4801	CTATTCGACCCCAACCTTGAGTTACTCGGATATGAGACAAATTTGACAGATGGGCTGATCT	4860
QY	4861	CTTTTCTATGTGTCAACCCCGAACCTTATTTGTCAATACTGCAAAAAAGAACTGCTGCAA	4920
Db	4861	CTTTTCTATGTGTCAACCCCGAACCTTATTTGTCAATACTGCAAAAAAGAACTGCTGCAA	4920
QY	4921	TTATGTTTGTGTGACTGACAGCCCAACTACAACTGTGTCAATCAGTATGGCTATGCTGTCC	4980
Db	4921	TTATGTTTGTGTGACTGACAGCCCAACTACAACTGTGTCAATCAGTATGGCTATGCTGTCC	4980
QY	4981	CAATGACGCAACCGTGTGACGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACCTTGTGGGGTTCTGTG	5040
Db	4981	CAATGACGCAACCGTGTGACGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACCTTGTGGGGTTCTGTG	5040
QY	5041	GCGCTGTGACGGGCGCTGACGCTGTCTCTGGGCCAGAGCCAGCAGGTATACCAATATCCA	5100
Db	5041	GCGCTGTGACGGGCGCTGACGCTGTCTCTGGGCCAGAGCCAGCAGGTATACCAATATCCA	5100
QY	5101	AATGTGCTTCACTGAAAGTCAATATCTTGTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT	5160
Db	5101	AATGTGCTTCACTGAAAGTCAATATCTTGTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT	5160
QY	5161	GGCTATGGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGCTGCTC	5220
Db	5161	GGCTATGGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGGCGCTTGCTGCTC	5220
QY	5221	TATTGCACTCACTCCCTTACCGGTTGCTACTGTGCCCCAGTGTATACAGAAAGAAATCGT	5280
Db	5221	TATTGCACTCACTCCCTTACCGGTTGCTACTGTGCCCCAGTGTATACAGAAAGAAATCGT	5280
QY	5281	GGAGGAGTGCATCATTTCAATCCCTTGGAGAGCATGGTGTGCTGCAATCGATTAAGCTGAA	5340
Db	5281	GGAGGAGTGCATCATTTCAATCCCTTGGAGAGCATGGTGTGCTGCAATCGATTAAGCTGAA	5340
QY	5341	GAGTACATCAACCAACTAGTCTTTTCACTTTGAGAAAACCGCCCTTGAAAAAATTAAAC	5400
Db	5341	GAGTACATCAACCAACTAGTCTTTTCACTTTGAGAAAACCGCCCTTGAAAAAATTAAAC	5400
QY	5401	CTTTTCTTGGGCTCATGACGTATCAATCCTTGTCTATCATATAGATATGCTGTGTTAGT	5460
Db	5401	CTTTTCTTGGGCTCATGACGTATCAATCCTTGTCTATCATATAGATATGCTGTGTTAGT	5460
QY	5461	CACCTTACCTGACATCCCTTTGGATATGAGGTGTGTTGCTTCAATTTGGGGTATTTACTAC	5520
Db	5461	CACCTTACCTGACATCCCTTTGGATATGAGGTGTGTTGCTTCAATTTGGGGTATTTACTAC	5520
QY	5521	CCCATCTCTCAAGATCAAAATGTTCTCTGTCAATATTGGAGGCGCAATTCGCTGCCA	5580


```
Db 5521 CCCATCTACCTCAACAAGATCAAAATGTCCTGTCATTAATTTGAGGCGCAATTTGGCTCCAA 5580
Qy 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTATGATGAGCGGGGCTGGGGAACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTATGATGAGCGGGGCTGGGGAACAGCTCT 5640
Qy 5641 TGGTACATGACATCGGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGGCGCTC 5700
Db 5641 TGGTACATGACATCGGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGGCGCTC 5700
Qy 5701 ATCCACTGCTTGTGACATTTAAATGCTTGAATGGGTAGTGCCCACTATGATCACT 5760
Db 5701 ATCCACTGCTTGTGACATTTAAATGCTTGAATGGGTAGTGCCCACTATGATCACT 5760
Qy 5761 TGCTGTTTATGCTACTCGCGGTTCAATCCGGCGCAGAGTTGAGGCGCTTGTGACG 5820
Db 5761 TGCTGTTTATGCTACTCGCGGTTCAATCCGGCGCAGAGTTGAGGCGCTTGTGACG 5820
Qy 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAACAGAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Db 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAACAGAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTTGTGAGAGCAACACTGTAATGTAATGAGTACTTTATTTGCACTCTGTGACATCG 5940
Db 5881 TATGCTTGTGAGAGCAACACTGTAATGTAATGAGTACTTTATTTGCACTCTGTGACATCG 5940
Qy 5941 CAGAGAGTACTGAGGCAATCTGAGAGGCACTACCCCGGAGGTGCAATATAGCTTCAT 6000
Db 5941 CAGAGAGTACTGAGGCAATCTGAGAGGCACTACCCCGGAGGTGCAATATAGCTTCAT 6000
Qy 6001 CCGTGTGCTCCACACCCCGCAGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTGGGCTCTAGAGAT 6060
Db 6001 CCGTGTGCTCCACACCCCGCAGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTGGGCTCTAGAGAT 6060
Qy 6061 TTGCGAGTATGTGCAATTTCTTTGATTTGCTTTAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGCGAGTATGTGCAATTTCTTTGATTTGCTTTAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Qy 6121 GAGAGTGTAAACATCTGCTGTTGCTTTCTAAGAGGCGCAAGAGGCTTCAAGAGGCTC 6180
Db 6121 GAGAGTGTAAACATCTGCTGTTGCTTTCTAAGAGGCGCAAGAGGCTTCAAGAGGCTC 6180
Qy 6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTCAAGACGCTGTCAATGCGGTCTGAACCTCATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTCAAGACGCTGTCAATGCGGTCTGAACCTCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGATGCTTTTGCAGAACTTTACAAAGACCCAGAACTGTTCAAATTTCTGAG 6300
Db 6241 TGTGAGATGCTTTTGCAGAACTTTACAAAGACCCAGAACTGTTCAAATTTCTGAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTTCAAGCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGAGACCGGACCCCACTGATG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCAAGCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGAGACCGGACCCCACTGATG 6360
Qy 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGCGGTAGGAGCTACTTAATATGAGAAATGGAGA 6420
Db 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGCGGTAGGAGCTACTTAATATGAGAAATGGAGA 6420
Qy 6421 TGCATTTTGTTCAGAGATATCTCTCAAAATGTCTGTTTCAACCGAGTGCCCAAC 6480
Db 6421 TGCATTTTGTTCAGAGATATCTCTCAAAATGTCTGTTTCAACCGAGTGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTGAGAGCTGACATGCGGCTGAGACGCGGTACAGTTCAAGTATCTAGTGAAGCCCA 6540
Db 6481 CTGAGAGCTGACATGCGGCTGAGACGCGGTACAGTATCTAGTGAAGCCCA 6540
Qy 6541 AACTCTTGAAGCACTGCTGTCTGTTACGTCCTGAACGTTAAGGTTAAACCTGTTAA 6600
Db 6541 AACTCTTGAAGCACTGCTGTCTGTTACGTCCTGAACGTTAAGGTTAAACCTGTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCGCGTTGACGCTCAACACTGTGTGTGCAATGCACTTAAATTTGCGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCGCGTTGACGCTCAACACTGTGTGTGCAATGCACTTAAATTTGCGTGA 6660
```

```
Db 6601 GCTTCCCTTCGCGTTGACGCTCAACACTGTGTGTGCAATGCACTTAAATTTGCGTGA 6660
Qy 6661 TGCACTTGAAGCAATGATGCTTAATTCACAAACACACTCTCTATGATGAAGCCGAGT 6720
Db 6661 TGCACTTGAAGCAATGATGCTTAATTCACAAACACACTCTCTATGATGAAGCCGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTTGTTTTCAACAGAGATGCGGCGTACAAACCAATTTGTTGAGCAATTTTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTTTTCAACAGAGATGCGGCGTACAAACCAATTTGTTGAGCAATTTTC 6780
Qy 6781 AGCTGGGTGACACACCAACCAACTGCAAGCCCTCCATCGAAGAGTATGTTAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGGGTGACACACCAACCAACTGCAAGCCCTCCATCGAAGAGTATGTTAAGAA 6840
Qy 6841 GCGCAGTCCGGGCAAGAACTGGTGGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCGC 6900
Db 6841 GCGCAGTCCGGGCAAGAACTGGTGGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCGC 6900
Qy 6901 AGAGTGTCAATGTCCTGAAAGCTGCAACGAAGTGAACCCGTTAAGAGTCTTCAACCT 6960
Db 6901 AGAGTGTCAATGTCCTGAAAGCTGCAACGAAGTGAACCCGTTAAGAGTCTTCAACCT 6960
Qy 6961 CCTTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCCATGCCCTGTTGGAGGGGTGA 7020
Db 6961 CCTTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCCATGCCCTGTTGGAGGGGTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTTTTCACTGCAATTTGGAATGTCAGTGAACGGAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTTTTCACTGCAATTTGGAATGTCAGTGAACGGAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTAACCAAGTTACCTTCCCAAAAGAGAGTCTGAAATGTCAGACGAAGATTTGCTGAC 7140
Db 7081 TTTAACCAAGTTACCTTCCCAAAAGAGAGTCTGAAATGTCAGACGAAGATTTGCTGAC 7140
Qy 7141 GCGTAAACCGTTTCCAGCTACTGTTACTGGCCCCCGTACCTTAAATATCGGGAAGGA 7200
Db 7141 GCGTAAACCGTTTCCAGCTACTGTTACTGGCCCCCGTACCTTAAATATCGGGAAGGA 7200
Qy 7201 TTCCACTGATGAGCGGCGGCAAGAGGCGCTCAAAAGAAAGTGGGAAGAGTGA 7260
Db 7201 TTCCACTGATGAGCGGCGGCAAGAGGCGCTCAAAAGAAAGTGGGAAGAGTGA 7260
Qy 7261 TTGCTGAGCATGAGCTACACCTGGAACGAGATGATAGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
Db 7261 TTGCTGAGCATGAGCTACACCTGGAACGAGATGATAGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTGCGGCGCTACTAGTGTCTTCAAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTGCGGCGCTACTAGTGTCTTCAAAAGATCATTTGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCGCGGAGTGCAGAGCTTAGAAACAAAGTCACTAATATAGCAACCTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCGCGGAGTGCAGAGCTTAGAAACAAAGTCACTAATATAGCAACCTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCGCATCATATACCAAGCAAGTGAATTTGCTAAGGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCGCATCATATACCAAGCAAGTGAATTTGCTAAGGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTATGTGGGACTATGATGAAGTGAAGTCAACAGCCCTCTAAGTCTGCTAAGT 7560
Db 7501 CGGTGTATGTGGGACTATGATGAAGTGAAGTCAACAGCCCTCTAAGTCTGCTAAGT 7560
Qy 7561 CCAATATCTGGGCTTGGGCGCACTGATGTTGTTCTGAGACGCGCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCAATATCTGGGCTTGGGCGCACTGATGTTGTTCTGAGACGCGCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGACTTGCAGAAAGTGTCTGAGGAGGTGATACAGAGTCAATATCGGCAAACTGTGAT 7680
Db 7621 GGACTTGCAGAAAGTGTCTGAGGAGGTGATACAGAGTCAATATCGGCAAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTTCTGTGAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAAGAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTTCTGTGAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAAGAACCCCAAG 7740
```


PT diagnosing and in treating HCV and in investigating the mechanisms for
the different biological properties of the viruses.

PS Claim 10; SEQ ID NO 2; 58bp; English.

XX
CC The invention describes a new isolated polynucleotide (I) encoding a 3'
CC sequence of the GB virus B (GBV-B) genome, or which comprises a chimeric
CC GBV-B genome, where at least part, but not all of a 5' nontranslated
CC region (NTR) sequence is derived from a hepatitis C virus (HCV) 5' NTR.
CC (I) is a GB virus B and/or hepatitis C virus polynucleotide comprising a
CC fully defined of 260 or 939 bp (SEQ ID NOS: 1 or 2). The polynucleotides
CC or chimeras are useful for diagnosing or treating hepatitis C virus (HCV)
CC and in investigating the mechanisms for the different biological
CC properties of the viruses. This sequence represents a Hepatitis GB virus
CC B (GBV-B) 3' terminal polynucleotide.

CC Sequence 939 BP; 2124 A; 2322 C; 2432 G; 2521 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 100.0%; Score 9399; DB 12; Length 9399;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 9399; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy	1	ACCACAAACACTCCAGTTGTTACATCGCGTAGGAGATGCTCTGAGACACCCCCCTAG	60
Db	1	ACCACAAACACTCCAGTTGTTACATCGCGTAGGAGATGCTCTGAGACACCCCCCTAG	60
Qy	61	CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCGTCTGCAGAGGGTGAAGCCACCACTTATAT	120
Db	61	CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCGTCTGCAGAGGGTGAAGCCACCACTTATAT	120
Qy	121	GTAAGCGCGGAGCTCATGACGCTGCGGTATGACACAGCCCAAGCTTGAATGATGC	180
Db	121	GTAAGCGCGGAGCTCATGACGCTGCGGTATGACACAGCCCAAGCTTGAATGATGC	180
Qy	181	CCTGATGGGCGGTGATGGGTTCCGCTGCTGCTGCTGCTTGAAGACCTTCCAGCCCA	240
Db	181	CCTGATGGGCGGTGATGGGTTCCGCTGCTGCTGCTGCTTGAAGACCTTCCAGCCCA	240
Qy	241	CCTCCAGATAGAGCGCGGCACTGTAGGAGAACCGGGGACCGGTCACTACAAAGACG	300
Db	241	CCTCCAGATAGAGCGCGGCACTGTAGGAGAACCGGGGACCGGTCACTACAAAGACG	300
Qy	301	CAGACCTTTTGTAGTATCAGCGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGT	360
Db	301	CAGACCTTTTGTAGTATCAGCGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGT	360
Qy	361	TGGATGGTGGGGTTAGCCATCATACCGTACGCTGATAGAGGTCTTGGAGGGAT	420
Db	361	TGGATGGTGGGGTTAGCCATCATACCGTACGCTGATAGAGGTCTTGGAGGGAT	420
Qy	421	CTGGAGTCTCTGAGACCGTACATGCTGTTATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACC	480
Db	421	CTGGAGTCTCTGAGACCGTACATGCTGTTATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACC	480
Qy	481	TGCGCCAGAAACCGCAAGAACAGACAGCGAGCTTCAATATCTGTGTCATTAAC	540
Db	481	TGCGCCAGAAACCGCAAGAACAGACAGCGAGCTTCAATATCTGTGTCATTAAC	540
Qy	541	ATCTGTTGAAGGGGAGCAACAGCAAGACCGCAAGTCCAGGCGCATGCTGGCTCTAA	600
Db	541	ATCTGTTGAAGGGGAGCAACAGCAAGACCGCAAGTCCAGGCGCATGCTGGCTCTAA	600
Qy	601	TTACAAATTTCTGATTCATGATGCTTGCAGACATTTGGCTCAGGCTGTTTGGCAGC	660
Db	601	TTACAAATTTCTGATTCATGATGCTTGCAGACATTTGGCTCAGGCTGTTTGGCAGC	660
Qy	661	TGATGTTGGGAGCGCAAGACCTGCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAACTCTTGA	720
Db	661	TGATGTTGGGAGCGCAAGACCTGCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAACTCTTGA	720
Qy	721	TTACCTTTTGGGAGTGGTATTTTAACTTCAACACTTATAGAGCCGCTGT	780
Db	721	TTACCTTTTGGGAGTGGTATTTTAACTTCAACACTTATAGAGCCGCTGT	780

Qy	781	GCGAGAGCGGCTCGTTCAGACAGTCTGCAGATAGTACCTTGTGAGATGAGTCAA	840
Db	781	GCGAGAGCGGCTCGTTCAGACAGTCTGCAGATAGTACCTTGTGAGATGAGTCAA	840
Qy	841	CTGGGCTACTGTTGGTTCGCTGTCACCTTTTGTGATGCTGATCTTTGGCTG	900
Db	841	CTGGGCTACTGTTGGTTCGCTGTCACCTTTTGTGATGCTGATCTTTGGCTG	900
Qy	901	TCCCTAGTGGGGGCGGGTCACTGACCCAGACAAATACCAATCTTCAACATTTG	960
Db	901	TCCCTAGTGGGGGCGGGTCACTGACCCAGACAAATACCAATCTTCAACATTTG	960
Qy	961	CTGCAGGCTATAGGTTATCTATTGTTCTCTTCCACTTGGCTCAGACGAGCTGTTG	1020
Db	961	CTGCAGGCTATAGGTTATCTATTGTTCTCTTCCACTTGGCTCAGACGAGCTGTTG	1020
Qy	1021	TGTATCTGTGCGGACGAGTGTGCGGTTCCGCGCAATCGTACATCTGACACCTTCA	1080
Db	1021	TGTATCTGTGCGGACGAGTGTGCGGTTCCGCGCAATCGTACATCTGACACCTTCA	1080
Qy	1081	TTGGACTGGACGGAATCTCTTCTTGGCTGACCAATTTGTTATGGGCGCTTGT	1140
Db	1081	TTGGACTGGACGGAATCTCTTCTTGGCTGACCAATTTGTTATGGGCGCTTGT	1140
Qy	1141	GACCTGTGACGCGCTTGACATTTGTTGATGTTGTGTCGCTGATTAATGTCGATGAC	1200
Db	1141	GACCTGTGACGCGCTTGACATTTGTTGATGTTGTGTCGCTGATTAATGTCGATGAC	1200
Qy	1201	GCTTGTGAGGCACTGGCTTATTCATATAGACTCAATGAACTGATCTTGTACTGGA	1260
Db	1201	GCTTGTGAGGCACTGGCTTATTCATATAGACTCAATGAACTGATCTTGTACTGGA	1260
Qy	1261	AGTCCCACTGGAATATATCTCTGGTCTCTAGGTTTATCGGTTGATGCGCGCAAGT	1320
Db	1261	AGTCCCACTGGAATATATCTCTGGTCTCTAGGTTTATCGGTTGATGCGCGCAAGT	1320
Qy	1321	CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAACTGGCTTCAAGTACCATACGCTATTTGGACAT	1380
Db	1321	CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAACTGGCTTCAAGTACCATACGCTATTTGGACAT	1380
Qy	1381	GTTTGAAGTGTACATTAACCTGGGCTTATGCTTATGAAAGCACTCTGGAACCTAT	1440
Db	1381	GTTTGAAGTGTACATTAACCTGGGCTTATGCTTATGAAAGCACTCTGGAACCTAT	1440
Qy	1441	GTTGATCAATGCTCTTACGCTTATGCTTATGAAAGCACTCTGGAACCTAT	1500
Db	1441	GTTGATCAATGCTCTTACGCTTATGCTTATGAAAGCACTCTGGAACCTAT	1500
Qy	1501	CAGGCTGCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTGCTGCGCTTGTGATGATACATGTC	1560
Db	1501	CAGGCTGCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTGCTGCGCTTGTGATGATACATGTC	1560
Qy	1561	TTGCCACTTATTTAGTGAAGATGTGAGAAAGTATTTGTTACAGTCCAAAGTGAC	1620
Db	1561	TTGCCACTTATTTAGTGAAGATGTGAGAAAGTATTTGTTACAGTCCAAAGTGAC	1620
Qy	1621	CAGGCTATCACTCTAGAGTAAACAATCTCATATCTTGGTACCCCTATACATTCCTGG	1680
Db	1621	CAGGCTATCACTCTAGAGTAAACAATCTCATATCTTGGTACCCCTATACATTCCTGG	1680
Qy	1681	TGCGAGGAGATGATGTTAAATTTCAAAATTAACAATGAGGTTGCTGCGTATTCGCA	1740
Db	1681	TGCGAGGAGATGATGTTAAATTTCAAAATTAACAATGAGGTTGCTGCGTATTCGCA	1740
Qy	1741	TGTGCATCTGATGCACTATGAGCACTGATGAGTGTGAAAGCACTGCAACACTTA	1800
Db	1741	TGTGCATCTGATGCACTATGAGCACTGATGAGTGTGAAAGCACTGCAACACTTA	1800
Qy	1801	CGAAGTATGGGTTGATTAACATAGCTTAAACAACCGGCTCAGGCTCAGGCTGAA	1860
Db	1801	CGAAGTATGGGTTGATTAACATAGCTTAAACAACCGGCTCAGGCTCAGGCTGAA	1860

1861 ATTGGCTATTATACATACCCTGGGCTTAAGAAATGTTAAACCTCATATGGATGTC 1920
1861 ATTGGCTATTATACATACCCTGGGCTTAAGAAATGTTAAACCTCATATGGATGTC 1920
1921 AGGCGATTGTATTTTGAAGGATACAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCTGTGAA 1980
1921 AGGCGATTGTATTTTGAAGGATACAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCTGTGAA 1980
1981 TTTCACCTCTCTACACCGGAGAGGTGGGCTAGGTGCCCGTACCCTGCTGTATAG 2040
1981 TTTCACCTCTCTACACCGGAGAGGTGGGCTAGGTGCCCGTACCCTGCTGTATAG 2040
2041 TGGTCTTGATTAACAGGTTCCGCAAGGTTTAAACAGTATGTAAGAAAGCCTTAGCCACAG 2100
2041 TGGTCTTGATTAACAGGTTCCGCAAGGTTTAAACAGTATGTAAGAAAGCCTTAGCCACAG 2100
2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGGAATAATATCAGTCTTATATATCCGCCACGGGTC 2160
2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGGAATAATATCAGTCTTATATATCCGCCACGGGTC 2160
2161 TTTGTCTTTACGGGAGTTACCAACAAGCCGTGGTCTAATTTCTGTGGGGTGTGTGG 2220
2161 TTTGTCTTTACGGGAGTTACCAACAAGCCGTGGTCTAATTTCTGTGGGGTGTGTGG 2220
2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCCTACTGTTACTGTTGCTGCTTTGTTTGGGGGCGCTTC 2280
2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCCTACTGTTACTGTTGCTGCTTTGTTTGGGGGCGCTTC 2280
2281 TGGTTACCCCTTGGCTGTGTCTCCATCCCAAGTGTATCTTCAAGCTGTGGGAGTGT 2340
2281 TGGTTACCCCTTGGCTGTGTCTCCATCCCAAGTGTATCTTCAAGCTGTGGGAGTGT 2340
2341 TTTGTCTTAAAGCTACAGTATGCTCTTTTGTGTTTCTTATCTGTGTTCTATATCCG 2400
2341 TTTGTCTTAAAGCTACAGTATGCTCTTTTGTGTTTCTTATCTGTGTTCTATATCCG 2400
2401 CTGGAGGCTACGTTATGCTGCCCTTTAAGGTTTGGCCATGGCGGCGGGCTTGGCCCT 2460
2401 CTGGAGGCTACGTTATGCTGCCCTTTAAGGTTTGGCCATGGCGGCGGGCTTGGCCCT 2460
2461 AACTTTCCTTGTGACAGAGCTGCTGCCAACCAACAGATATATGACTGGTGGGTGCACTGCT 2520
2461 AACTTTCCTTGTGACAGAGCTGCTGCCAACCAACAGATATATGACTGGTGGGTGCACTGCT 2520
2521 AGTGGCAGGAGTTAGTTTGTGGGCGCGCGGTAAACCGTGTACACCGCATATGCTTGTGT 2580
2521 AGTGGCAGGAGTTAGTTTGTGGGCGCGCGGTAAACCGTGTACACCGCATATGCTTGTGT 2580
2581 AGGTCCCTGGCCCTGAGTACGCTTTTAAACCTCTTGCAATTGGTTACGCTGCTTCAAG 2640
2581 AGGTCCCTGGCCCTGAGTACGCTTTTAAACCTCTTGCAATTGGTTACGCTGCTTCAAG 2640
2641 TTTTATACCGAGATATATGAGAGGCTGACAAATACACCGTATGATGACATTAATTTGAT 2700
2641 TTTTATACCGAGATATATGAGAGGCTGACAAATACACCGTATGATGACATTAATTTGAT 2700
2701 GTCTGCTTTGGGCTCTTCTGCTCACTTGTATCTCGCTGTGCTTAACTTAACTCTATCT 2760
2701 GTCTGCTTTGGGCTCTTCTGCTCACTTGTATCTCGCTGTGCTTAACTTAACTCTATCT 2760
2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGGTTTGGAAAGTTAACCTTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGGTTTGGAAAGTTAACCTTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCGTGCACATATGACGGGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTC 2880
2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCGTGCACATATGACGGGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTC 2880
2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATTCAGTGCAGATGCTTCTTGGGAGCTGACCTTAGGGT 2940
2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATTCAGTGCAGATGCTTCTTGGGAGCTGACCTTAGGGT 2940
2941 TAGGGCCCATAGAAATGTGTGTGCTCTCGGAAGTGTCAATGCTTGGATATTCATATATGT 3000

2941 TAGGGCCCATAGAAATGTGTGTGCTCTCGGAAGTGTCAATGCTTGGATATTCATATATGT 3000
3001 TCTTAAAGTTTTCCTCTTATAGTTTGGTGAGAAATGCTGTGTTTCTATATAGCACTTGA 3060
3001 TCTTAAAGTTTTCCTCTTATAGTTTGGTGAGAAATGCTGTGTTTCTATATAGCACTTGA 3060
3061 TGGTATGCTTGGCTTAATGATTTTGGCTCGAAATCAACATGACAGAGCAATTTTTCCT 3120
3061 TGGTATGCTTGGCTTAATGATTTTGGCTCGAAATCAACATGACAGAGCAATTTTTCCT 3120
3121 TTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAGAAAGACGCTTGGCTGTGGGACAC 3180
3121 TTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAGAAAGACGCTTGGCTGTGGGACAC 3180
3181 GGTGATGTTTCCCGTGTGTCGCGCTCTCGGCACCTTGTGTCAGGGTGTGCTAT 3240
3181 GGTGATGTTTCCCGTGTGTCGCGCTCTCGGCACCTTGTGTCAGGGTGTGCTAT 3240
3241 GCGGCAGATGGGTGGGCGCATTAACGGCACCTTTAAGCTGACAGTGTCTCTGAACGTG 3300
3241 GCGGCAGATGGGTGGGCGCATTAACGGCACCTTTAAGCTGACAGTGTCTCTGAACGTG 3300
3301 CACGCTGTACGAGATGGAGAGTGTGATGACTGTATAGACCCCGAACTTGAATGGAAC 3360
3301 CACGCTGTACGAGATGGAGAGTGTGATGACTGTATAGACCCCGAACTTGAATGGAAC 3360
3361 TATCTTCAAGATTAGATCTTGGCCACTATAGCTATCATGGAATTTGTTTGGACAAAGTGT 3420
3361 TATCTTCAAGATTAGATCTTGGCCACTATAGCTATCATGGAATTTGTTTGGACAAAGTGT 3420
3421 GTATCTGCTCACATGGGAGCAAGGGGCGCGTGTGCTCATCCACAGGCTTATPACA 3480
3421 GTATCTGCTCACATGGGAGCAAGGGGCGCGTGTGCTCATCCACAGGCTTATPACA 3480
3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTTAATGACCAAGACATCTATCAACCACTGTGAGACTG 3540
3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTTAATGACCAAGACATCTATCAACCACTGTGAGACTG 3540
3541 GTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGGGGAGACCAAGGGATATCTGTATACAGACTGGGATC 3600
3541 GTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGGGGAGACCAAGGGATATCTGTATACAGACTGGGATC 3600
3601 ATTGGTGAAGTCAACCAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTGGGGGCGCTTCCAT 3660
3601 ATTGGTGAAGTCAACCAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTGGGGGCGCTTCCAT 3660
3661 GGTGTGCAAGGGTCTTCAAGTGCCTCCGATTTCTGTGCTCTCCGGGCAATGTATGTG 3720
3661 GGTGTGCAAGGGTCTTCAAGTGCCTCCGATTTCTGTGCTCTCCGGGCAATGTATGTG 3720
3721 GATGTTACCGCTGTAGAAATTTGCGCGGTTCAAGTCAAGATTAAGGTTAGGGCGGT 3780
3721 GATGTTACCGCTGTAGAAATTTGCGCGGTTCAAGTCAAGATTAAGGTTAGGGCGGT 3780
3781 GGTGTGTGTGATACCAATCCCAAGTACACGACATGTGCACCTTGATACAAACCTAC 3840
3781 GGTGTGTGTGATACCAATCCCAAGTACACGACATGTGCACCTTGATACAAACCTAC 3840
3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCAAATTTAATGTGCCCCACATGACGGGCAAGTCAAC 3900
3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCAAATTTAATGTGCCCCACATGACGGGCAAGTCAAC 3900
3901 CAAATTAACCACTTCTTATACATGACAGAGATATGAGTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
3901 CAAATTAACCACTTCTTATACATGACAGAGATATGAGTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
3961 GGTCAACAGATCAATGCAAGTACATGACAGGAGTACGAGGTACGAGTCAATTAATG 4020
3961 GGTCAACAGATCAATGCAAGTACATGACAGGAGTACGAGGTACGAGTCAATTAATG 4020
4021 CTATTTTAATGCAATGTATCAACACAGGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGTCAT 4080
4021 CTATTTTAATGCAATGTATCAACACAGGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGTCAT 4080

4021 CTATTTATGCAATATGACCAACAGGCGCTTCACTTACGTAACACATATGCGAT 4080
4081 GTACCTGACCGAGAGATGTTCCCGAATGATGATTAATCATTTGTGACGATGCGATGC 4140
4081 GTACCTGACCGAGAGATGTTCCCGAATGATGATTAATCATTTGTGACGATGCGATGC 4140
4141 TACGATGCAACACCGGTTGGGATTTGGAAAGGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAA 4200
4141 TACGATGCAACACCGGTTGGGATTTGGAAAGGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAA 4200
4201 TGTAGGCTAGTGGTTCTTGGCAAGGCTACCCCTCGAGTAATCCCTTACACCAATGC 4260
4201 TGTAGGCTAGTGGTTCTTGGCAAGGCTACCCCTCGAGTAATCCCTTACACCAATGC 4260
4261 CAACATACTGAGATTCAATTAACCGATGAAGGACATATCCCTTTCATGGAAGAAAGAT 4320
4261 CAACATACTGAGATTCAATTAACCGATGAAGGACATATCCCTTTCATGGAAGAAAGAT 4320
4321 TAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACCTTATCTTTGAGGCTTACAAAAAACTG 4380
4321 TAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACCTTATCTTTGAGGCTTACAAAAAACTG 4380
4381 TGATGAGCTGCTAACGAGTTAGCTCGAAGGGAATACAGCTGCTCTTACTATAGGGG 4440
4381 TGATGAGCTGCTAACGAGTTAGCTCGAAGGGAATACAGCTGCTCTTACTATAGGGG 4440
4441 ATGATGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGCGAGCTGTGTAGTATGTCATGATGCTGTG 4500
4441 ATGATGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGCGAGCTGTGTAGTATGTCATGATGCTGTG 4500
4501 TACAGGGTACACTGCTGATCTTTGATTCGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
4501 TACAGGGTACACTGCTGATCTTTGATTCGCTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
4561 ATGCAATGTTACCTTGAACCTTACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGA 4620
4561 ATGCAATGTTACCTTGAACCTTACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGAACCTTGA 4620
4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTAGGGGCGCAGACAGCGCGTAGGAGAGTGGCATATACTA 4680
4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTAGGGGCGCAGACAGCGCGTAGGAGAGTGGCATATACTA 4680
4681 TGTAGAGCGGAGTGTATACCTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4740
4681 TGTAGAGCGGAGTGTATACCTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4740
4741 CGAGCGACCCAAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
4741 CGAGCGACCCAAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACCTGCGATGAGACAAATTTGGACGAGTGGGCTGATCT 4860
4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACCTGCGATGAGACAAATTTGGACGAGTGGGCTGATCT 4860
4861 CTTTCTTATGTCACCCCGAACCCTTATTTGTCAATATGCAAAAGAAATGCTGACAA 4920
4861 CTTTCTTATGTCACCCCGAACCCTTATTTGTCAATATGCAAAAGAAATGCTGACAA 4920
4921 TTTATGTTTGTGACTGACGCCCACTAATCTGTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
4921 TTTATGTTTGTGACTGACGCCCACTAATCTGTGTATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
4981 CAATGACGACCAAGGATGAGGAGGAGCGGCTTGGGAAAGAACTTGGGGTTCGTG 5040
4981 CAATGACGACCAAGGATGAGGAGGAGCGGCTTGGGAAAGAACTTGGGGTTCGTG 5040
4991 CAATGACGACCAAGGATGAGGAGGAGCGGCTTGGGAAAGAACTTGGGGTTCGTG 5040
4991 CAATGACGACCAAGGATGAGGAGGAGCGGCTTGGGAAAGAACTTGGGGTTCGTG 5040
5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGAGCCAGAGCCAGAGGATGACAGATACCA 5100
5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGAGCCAGAGCCAGAGGATGACAGATACCA 5100
5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGAGCCAGAGCCAGAGGATGACAGATACCA 5100
5101 AATGCTTCACTGAATGATTAATCTTGTGGAGACGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
5101 AATGCTTCACTGAATGATTAATCTTGTGGAGACGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160

5161 GCGTATGCGCTTATCTAGCCATTAACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGCGGCTGTGCTG 5220
5161 GCGTATGCGCTTATCTAGCCATTAACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGCGGCTGTGCTG 5220
5221 TATGCAATGATGCTTACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5280
5221 TATGCAATGATGCTTACCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5280
5281 GAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5340
5281 GAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5340
5341 GAGTACATCAACCAACTGATCTTTCATGATGAAACCGGCTTGAAGAACTTAAAC 5400
5341 GAGTACATCAACCAACTGATCTTTCATGATGAAACCGGCTTGAAGAACTTAAAC 5400
5401 CTTTCTTGGGCTTACAGCTTACCAATCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
5401 CTTTCTTGGGCTTACAGCTTACCAATCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
5461 CACTTACCTGACATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
5461 CACTTACCTGACATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
5521 CCACTTACCTGACATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
5521 CCACTTACCTGACATCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
5581 GCTTACGAGCGCTTACGAGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
5581 GCTTACGAGCGCTTACGAGCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
5641 TGTACATGAGCATCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
5641 TGTACATGAGCATCGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
5701 ATCCACTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
5701 ATCCACTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
5761 TGTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
5761 TGTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
5821 TGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
5821 TGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
5881 TATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940
5881 TATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940
5941 CAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6000
5941 CAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6000
6001 CCGTGTGCTCAGACCCCGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6060
6001 CCGTGTGCTCAGACCCCGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6060
6061 TTTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6120
6061 TTTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6120
6121 GAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6180
6121 GAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6180
6181 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6240
6181 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6240

QY 6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAGCCAGACTTGTTCAAATTACTGGAG 6300
 Db 6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAGCCAGACTTGTTCAAATTACTGGAG 6300
 QY 6301 AAGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGAGGCTGTGGGTGCGGTAGACCGGAGCCCAACTGATTG 6360
 Db 6301 AAGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGAGGCTGTGGGTGCGGTAGACCGGAGCCCAACTGATTG 6360
 QY 6361 GACTAGCTTGTGTCATATTATGCGTTAGAGACTACTGTAAATATGAGAAATGGAGAG 6420
 Db 6361 GACTAGCTTGTGTCATATTATGCGTTAGAGACTACTGTAAATATGAGAAATGGAGAG 6420
 QY 6421 TCACATTTTGTGTTACAGAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTCACCCAGTCCCAAC 6480
 Db 6421 TCACATTTTGTGTTACAGAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTCACCCAGTCCCAAC 6480
 QY 6481 CTGAGAGTGAAGTGGCGGTGAGACGGGTGACAGGTGAGTGTATCTAGAGAGCCCA 6540
 Db 6481 CTGAGAGTGAAGTGGCGGTGAGACGGGTGACAGGTGAGTGTATCTAGAGAGCCCA 6540
 QY 6541 AACTCCTTGGAGACATCTGCTGTGTATACGGTCTCTGAAGGTTAAAGCTGTAA 6600
 Db 6541 AACTCCTTGGAGACATCTGCTGTGTATACGGTCTCTGAAGGTTAAAGCTGTAA 6600
 QY 6601 GCTTCCCTTCCGGGTGACGGTCAACACTGTGTGTGCGCATGCACTTAAATTGCTGA 6660
 Db 6601 GCTTCCCTTCCGGGTGACGGTCAACACTGTGTGTGCGCATGCACTTAAATTGCTGA 6660
 QY 6661 TGCACCTTGAAGAAAGTGTATATTCACAAACAACTCTAGTGAAGAGCCGCACT 6720
 Db 6661 TGCACCTTGAAGAAAGTGTATATTCACAAACAACTCTAGTGAAGAGCCGCACT 6720
 QY 6721 GTCCGCTCTGTTTCAACAGAGTGGCGGTACAAACCAATTGCTTGAAGCAATTTC 6780
 Db 6721 GTCCGCTCTGTTTCAACAGAGTGGCGGTACAAACCAATTGCTTGAAGCAATTTC 6780
 QY 6781 AGCTGCGTGTGACACCAACCACTGCGACGCCCTTCATCGAAGAGTGTGTAAAGAA 6840
 Db 6781 AGCTGCGTGTGACACCAACCACTGCGACGCCCTTCATCGAAGAGTGTGTAAAGAA 6840
 QY 6841 GGGCCAGTTCGGGGCAAGAACTGTGTGCTTACCTTGGCTCCCTCCAGATCCGTCCC 6900
 Db 6841 GGGCCAGTTCGGGGCAAGAACTGTGTGCTTACCTTGGCTCCCTCCAGATCCGTCCC 6900
 QY 6901 AAGAGTGTATGCTCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACCT 6960
 Db 6901 AAGAGTGTATGCTCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACCT 6960
 QY 6961 CCCTCCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
 Db 6961 CCCTCCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
 QY 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACAGGGGGAGCCCTGATGA 7080
 Db 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACAGGGGGAGCCCTGATGA 7080
 QY 7081 TTATACCACTTCCCTCCCAAAAGAGGCTCTGATGTGCAAGTGTGAGAGTTGTGTCAC 7140
 Db 7081 TTATACCACTTCCCTCCCAAAAGAGGCTCTGATGTGCAAGTGTGAGAGTTGTGTCAC 7140
 QY 7141 GGGTCAACCGTTTCCAGCTACGTTACTGAGCCCGGTACCCCTAAGATACGGGGAAAGGA 7200
 Db 7141 GGGTCAACCGTTTCCAGCTACGTTACTGAGCCCGGTACCCCTAAGATACGGGGAAAGGA 7200
 QY 7201 TTTCACATGCTCAGCCCGCCCAAGAGGCTTACAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTAGTT 7260
 Db 7201 TTTCACATGCTCAGCCCGCCCAAGAGGCTTACAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTAGTT 7260
 QY 7261 TTTCGACAGATAGCTACACCTGAGACGAGCGTATTTAGCTTCAAACTGCTTCTAAAGT 7320
 Db 7261 TTTCGACAGATAGCTACACCTGAGACGAGCGTATTTAGCTTCAAACTGCTTCTAAAGT 7320
 QY 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGCCATCACTAGTGTCTCTCAAAAGATCAATTGTGTATGT 7380

Db 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGCCATCACTAGTGTCTCTCAAAAGATCAATTGTGTATGT 7380
 QY 7381 GACTAGAGCCGCGGATGCGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTATTAATGACAACTCT 7440
 Db 7381 GACTAGAGCCGCGGATGCGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTATTAATGACAACTCT 7440
 QY 7441 GTTCCCTCATCATACCAAGCAAGTATGAGTGGCTTAAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
 Db 7441 GTTCCCTCATCATATACCAAGCAAGTATGAGTGGCTTAAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
 QY 7501 CCGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAGTGAAGTGAAGTCAACCGCCCTGATGTGCTAAGTC 7560
 Db 7501 CCGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAGTGAAGTGAAGTCAACCGCCCTGATGTGCTAAGTC 7560
 QY 7561 CCACATCACTGGCCCTTCCGGGCACTGATGTGTCTGAGAGAGCCCGCAAGGCTGTCT 7620
 Db 7561 CCACATCACTGGCCCTTCCGGGCACTGATGTGTCTGAGAGAGCCCGCAAGGCTGTCT 7620
 QY 7621 GGAATTTGCAAGATGTGTGAGAGAGGTGAATCCAGTCACTATTCGGCAACTGTGAT 7680
 Db 7621 GGAATTTGCAAGATGTGTGAGAGAGGTGAATCCAGTCACTATTCGGCAACTGTGAT 7680
 QY 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTTCTGTGAAGAGCCCGCAAGAACCAAGAAAGAACCCCAAG 7740
 Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTTCTGTGAAGAGCCCGCAAGAACCAAGAAAGAACCCCAAG 7740
 QY 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTGAATGATGTGTGAAGATGTACTAGCTAGCT 7800
 Db 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTGAATGATGTGTGAAGATGTACTAGCTAGCT 7800
 QY 7801 TGTCTCTGACGTATGTTAAAGCTGTGATGAGAGATGCTGAGGTTGTATGATCACTGAC 7860
 Db 7801 TGTCTCTGACGTATGTTAAAGCTGTGATGAGAGATGCTGAGGTTGTATGATCACTGAC 7860
 QY 7861 CCGTGTCAAGCTCTGTGTGTGATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7920
 Db 7861 CCGTGTCAAGCTCTGTGTGTGATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7920
 QY 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACACCGAGATATCATGTGTGAGAGACAGATCATCTAC 7980
 Db 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACACCGAGATATCATGTGTGAGAGACAGATCATCTAC 7980
 QY 7981 AGCAGCTAACTCAGTGAACCAACAGAGCTGCAATTCACACATTTGCGAGGCACTTATA 8040
 Db 7981 AGCAGCTAACTCAGTGAACCAACAGAGCTGCAATTCACACATTTGCGAGGCACTTATA 8040
 QY 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCGTATGATGATG 8100
 Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCGTATGATGATG 8100
 QY 8101 TTCCGCGCTATATCACTCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGTGCTGAAGGTTAAATGC 8160
 Db 8101 TTCCGCGCTATATCACTCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGTGCTGAAGGTTAAATGC 8160
 QY 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGAGTGAAGAACCTTGTCTTATTTTGGCGGATGATTGAC 8220
 Db 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGAGTGAAGAACCTTGTCTTATTTTGGCGGATGATTGAC 8220
 QY 8221 CGTAAATTTGGAAGACCGCGGAGAGTGAAGCAACAAAGCAAGAACGCTGCTTGTG 8280
 Db 8221 CGTAAATTTGGAAGACCGCGGAGAGTGAAGCAACAAAGCAAGAACGCTGCTTGTG 8280
 QY 8281 CTGAGTGAAGTGAAGTGGGTGACCAAGATTGTGTGCTCAACCAATTAAGTTTGA 8340
 Db 8281 CTGAGTGAAGTGAAGTGGGTGACCAAGATTGTGTGCTCAACCAATTAAGTTTGA 8340
 QY 8341 AGAATTAACATCATCTCAATTTTAACTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTAA 8400
 Db 8341 AGAATTAACATCATCTCAATTTTAACTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTAA 8400
 QY 8401 CTACTTTCTTAAAGAGATCTCTGTATCCCTTGTGGAGAGTCTCTCGGAGGCTGTGG 8460


```
D 8401 CTACTTTCTTACAAAGATCTCGTATCCCTTGGCAGGCTCTGCGGAGGCTCTGGG 8460
Q 8461 ATACAAACCCAGCTCTGCTGGATGGATGATTAATCAATCACTACCACTATGTTGGT 8520
D 8461 ATACAAACCCAGCTCTGCTGGATGGATGATTAATCAATCACTACCACTATGTTGGT 8520
Q 8521 TAGCCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8580
D 8521 TAGCCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8580
Q 8581 GAGCGTGACCTTTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8640
D 8581 GAGCGTGACCTTTAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8640
Q 8641 CATCATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8700
D 8641 CATCATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8700
Q 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTACCAAGACATGACATGACATGACATGACATGACATG 8760
D 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTACCAAGACATGACATGACATGACATGACATGACATG 8760
Q 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8820
D 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8820
Q 8821 GGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8880
D 8821 GGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8880
Q 8881 CGTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8940
D 8881 CGTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 8940
Q 8941 TATTAACCAAGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATG 9000
D 8941 TATTAACCAAGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATG 9000
Q 9001 TGCCCTAGGCTCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 9060
D 9001 TGCCCTAGGCTCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 9060
Q 9061 CTAAACAGTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTT 9120
D 9061 CTAAACAGTTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTT 9120
Q 9121 TTAACGACCCCGGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 9180
D 9121 TTAACGACCCCGGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 9180
Q 9181 GGCATGCTCTAAGGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 9240
D 9181 GGCATGCTCTAAGGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGAT 9240
Q 9241 GTGAGAGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 9300
D 9241 GTGAGAGATCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 9300
Q 9301 CTGACGAGATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 9360
D 9301 CTGACGAGATTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 9360
Q 9361 TTCCAAGGAGAGGAGACCCCGGCTGGAATTAATAACT 9399
D 9361 TTCCAAGGAGAGGAGACCCCGGCTGGAATTAATAACT 9399
```

```
RESULT 3
AAF23484
ID AAF23484 standard; DNA; 9399 BP.
AC AAF23484;
XX
```

```
DT 11-SEP-2003 (revised)
DT 21-MAR-2001 (first entry)
XX GBV-B virus genome.
DE GBV-B virus genome.
XX GBV-B; hepatitis C virus; HCV; vaccine; ds.
XX Hepatitis GB virus B.
XX MO200075337-A1.
XX 14-DEC-2000.
XX 02-JUN-2000; 2000WO-US015293.
XX 04-JUN-1999; 99US-0137694P.
XX (USSH ) US DEPT HEALTH & HUMAN SERVICES.
XX Burk J, Yanagi M, Emerson SU, Purcell RH;
XX WPI; 2001-091214/10.
XX New infectious nucleic acids of the GB virus-B clone, useful for
XX indirectly studying the molecular properties of hepatitis C virus (HCV)
XX and in developing vaccines and therapeutics for HCV.
XX Claim 3; Page 60-63; 96pp; English.
XX The present invention relates to GB virus-B. The nucleic acid molecules
XX of the invention are useful for indirectly studying the molecular
XX properties of hepatitis C virus (HCV). The infectious nucleic acid
XX sequence of the GB virus-B clone and the HCV/GBV-B chimeras may be used
XX in the development of vaccines and therapeutics for HCV. (Updated on 11-
XX SEP-2003 to standardise OS field)
XX Sequence 9399 BP; 2125 A; 2326 C; 2430 G; 2518 T; 0 U; 0 Other;
SQ
Query Match 99.9%; Score 9386.2; DB 4; Length 9399;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
Matches 9391; Conservative 0; Mismatches 8; Indels 0; Gaps 0;
Q 1 ACCAACAACCTCCAGTTGTTTACCTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTAG 60
D 1 ACCAACAACCTCCAGTTGTTTACCTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCTAG 60
Q 61 CAGGCGTGGGGATTTCCCTGCGCTGCGAGAAAGGTGAGACCAACCTTAGAT 120
D 61 CAGGCGTGGGGATTTCCCTGCGCTGCGAGAAAGGTGAGACCAACCTTAGAT 120
Q 121 GTAGGCGGCGGAGACTGATGAGCTGCGGTATGACAAAGCCGCACTTGGATGGC 180
D 121 GTAGGCGGCGGAGACTGATGAGCTGCGGTATGACAAAGCCGCACTTGGATGGC 180
Q 181 CTTGATGGGCTTATGAGTACGCTCCGATGAGCAAGCCGCACTTGGATGGC 240
D 181 CTTGATGGGCTTATGAGTACGCTCCGATGAGCAAGCCGCACTTGGATGGC 240
Q 241 CTTGATGGGCTTATGAGTACGCTCCGATGAGCAAGCCGCACTTGGATGGC 300
D 241 CTTGATGGGCTTATGAGTACGCTCCGATGAGCAAGCCGCACTTGGATGGC 300
Q 301 CAGACCTCTTTTGTAGATACGCTCCGAGAGATGAGGCAAGCCGCACTTATATGT 360
D 301 CAGACCTCTTTTGTAGATACGCTCCGAGAGATGAGGCAAGCCGCACTTATATGT 360
Q 361 TGGATGTTGGGTTAGCATTCATGACGATGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT 420
D 361 TGGATGTTGGGTTAGCATTCATGACGATGCTGATAGGGTCTTGGAGGGAT 420
Q 421 CTGGAGTCTGCTGATGAGCAAGCTGCTGTTATTTCTACTAAACAAGTCTGTACC 480
D 421 CTGGAGTCTGCTGATGAGCAAGCTGCTGTTATTTCTACTAAACAAGTCTGTACC 480
```

QY 481 TCGCCGAGAACGCGCAAGAACAGACGAGGCTTCATCTCTGTGTCCATTAAAC 540
 DB 481 TCGCCGAGAACGCGCAAGAACAGACGAGGCTTCATCTCTGTGTCCATTAAAC 540
 QY 541 ATCTGTGAAAGGGGACAAAGCAAGGCAAGTCCAGCGGATTCCTGGCTTCGTA 600
 DB 541 ATCTGTGAAAGGGGACAAAGCAAGGCAAGTCCAGCGGATTCCTGGCTTCGTA 600
 QY 601 TTACAAAATTTGCTGGATCATGATGGCTTGACACATTCGCTGAGGCTTTGACAC 660
 DB 601 TTACAAAATTTGCTGGATCATGATGGCTTGACACATTCGCTGAGGCTTTGACAC 660
 QY 661 TCGATGTTGGGACGCGCAAGACCTTCGACATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTGA 720
 DB 661 TCGATGTTGGGACGCGCAAGACCTTCGACATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTGA 720
 QY 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGATGTTAACTCAACACCTCTAATAGGCGGCTGT 780
 DB 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGATGTTAACTCAACACCTCTAATAGGCGGCTGT 780
 QY 781 GCGAGAGAGGCTGTTCCAGACGATCGGACATAGACCTTGTGAGGATGAGTCA 840
 DB 781 GCGAGAGAGGCTGTTCCAGACGATCGGACATAGACCTTGTGAGGATGAGTCA 840
 QY 841 CTGGGCTACTGGTGGTTCGATGTCACCTTTTGTGTATGCTGTAATCTTGGCTG 900
 DB 841 CTGGGCTACTGGTGGTTCGATGTCACCTTTTGTGTATGCTGTAATCTTGGCTG 900
 QY 901 TCCCTGTAGTGGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACCAATATCACAATCTTACCAAT 960
 DB 901 TCCCTGTAGTGGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACCAATATCACAATCTTACCAAT 960
 QY 961 CTGGCAGGCTATCAGGTTATCTATGTTCTTCCTTCCACTTGGCTTACAGACCTG 1020
 DB 961 CTGGCAGGCTATCAGGTTATCTATGTTCTTCCTTCCACTTGGCTTACAGACCTG 1020
 QY 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGCGGTTCCGCAATCCGTAATCTCAACCTTCC 1080
 DB 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGCGGTTCCGCAATCCGTAATCTCAACCTTCC 1080
 QY 1081 TTGAGCTGCGACGACTCTTCTTGGCTGACACATTTGTTTATTTGGGCTCTGT 1140
 DB 1081 TTGAGCTGCGACGACTCTTCTTGGCTGACACATTTGTTTATTTGGGCTCTGT 1140
 QY 1141 GACCTGTGACGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
 DB 1141 GACCTGTGACGCTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1200
 QY 1201 GCTTGTCAAGGCACTGGCTTATTCATAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTAC 1260
 DB 1201 GCTTGTCAAGGCACTGGCTTATTCATAGACCTCAATGAACTGGTACTTGTAC 1260
 QY 1261 AGTGTCCACTGGAATGATCTGCGGTTCTTACGCTTATCGGATGCGGCAAG 1320
 DB 1261 AGTGTCCACTGGAATGATCTGCGGTTCTTACGCTTATCGGATGCGGCAAG 1320
 QY 1321 GAGGCTGTCACTCTTGTGACCAAACTGGCTTCAAGATGACATTCGCTTGTG 1380
 DB 1321 GAGGCTGTCACTCTTGTGACCAAACTGGCTTCAAGATGACATTCGCTTGTG 1380
 QY 1381 GTTTAGCAGTGTACACTACCTGCGGTTGGCGCTGATCTAATGCTCTCGGGCA 1440
 DB 1381 GTTTAGCAGTGTACACTACCTGCGGTTGGCGCTGATCTAATGCTCTCGGGCA 1440
 QY 1441 GTTGTATCAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTTTACATGAAGGACCTCTGGA 1500
 DB 1441 GTTGTATCAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTTTACATGAAGGACCTCTGGA 1500
 QY 1501 CAGGGGACCACTGGAATGCTCAATAGCTGATGTTTGTCTGCTTGTATATCAAT 1560
 DB 1501 CAGGGGACCACTGGAATGCTCAATAGCTGATGTTTGTCTGCTTGTATATCAAT 1560

QY 1561 TTGCCACTTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1620
 DB 1561 TTGCCACTTTATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1620
 QY 1621 CAGGCTTCACTCTAGAGTATTAACAATCTCAATCTTGTGATGATGATGATG 1680
 DB 1621 CAGGCTTCACTCTAGAGTATTAACAATCTCAATCTTGTGATGATGATGATG 1680
 QY 1681 TCGAGAGGAGTATGTTAATTTCAAAATTAACAATGAGGTTGCTGCGTATTC 1740
 DB 1681 TCGAGAGGAGTATGTTAATTTCAAAATTAACAATGAGGTTGCTGCGTATTC 1740
 QY 1741 TGTGCATCTGATCTGACATTAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 DB 1741 TGTGCATCTGATCTGACATTAAGGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1800
 QY 1801 CGAAGTATGCGGTGTAACCAATGCTTAAACACGAGGCTGACAGGCTGAC 1860
 DB 1801 CGAAGTATGCGGTGTAACCAATGCTTAAACACGAGGCTGACAGGCTGAC 1860
 QY 1861 ATTGCTATATTTACATATCCCTGAGGCTTAAAGAAATGTTAACTCATAT 1920
 DB 1861 ATTGCTATATTTACATATCCCTGAGGCTTAAAGAAATGTTAACTCATAT 1920
 QY 1921 AGGCTATTTGATTTTGAAGGATCAATACCTTATGATTTATTTATGATG 1980
 DB 1921 AGGCTATTTGATTTTGAAGGATCAATACCTTATGATTTATTTATGATG 1980
 QY 1981 TTCCACTCTCCATCACCGGAGAGGTTGAGTGGTGGGTTACCCACCTG 2040
 DB 1981 TTCCACTCTCCATCACCGGAGAGGTTGAGTGGTGGGTTACCCACCTG 2040
 QY 2041 TGTCTCTTGTATCAGTTCGCAAGGTTTATCAGTATGTAAGAACTTAC 2100
 DB 2041 TGTCTCTTGTATCAGTTCGCAAGGTTTATCAGTATGTAAGAACTTAC 2100
 QY 2101 ATTGATCACCAAGCAAGCTGGAATAATATGATCTTATATTCGCGCA 2160
 DB 2101 ATTGATCACCAAGCAAGCTGGAATAATATGATCTTATATTCGCGCA 2160
 QY 2161 TTTGTCTTTCAGGAGTTACCAACCAAGGCTGATGATGATGATGATGATG 2220
 DB 2161 TTTGTCTTTCAGGAGTTACCAACCAAGGCTGATGATGATGATGATGATG 2220
 QY 2221 CAGCAAGTATCTATTTAGCTTACCTGTTACTTGTCTTGTCTTGTG 2280
 DB 2221 CAGCAAGTATCTATTTAGCTTACCTGTTACTTGTCTTGTCTTGTG 2280
 QY 2281 TGTGTAACCTTGTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2340
 DB 2281 TGTGTAACCTTGTGCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2340
 QY 2341 TTTGTCTTTCAGGAGTTACCAACCAAGGCTGATGATGATGATGATGATG 2400
 DB 2341 TTTGTCTTTCAGGAGTTACCAACCAAGGCTGATGATGATGATGATGATG 2400
 QY 2401 CTGCAAGGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2460
 DB 2401 CTGCAAGGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2460
 QY 2461 AAATTTTCTTGTGAGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2520
 DB 2461 AAATTTTCTTGTGAGAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2520
 QY 2521 AGTGTGAGGTTAGTTTGTGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2580
 DB 2521 AGTGTGAGGTTAGTTTGTGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2580
 QY 2581 AGTGTCTTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2640
 DB 2581 AGTGTCTTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2640
 QY 2641 TTTGTATACCAAGATATTTGAGAGGCTGACCAATACCACTGTATGATG 2700

```
Db 2641 TTTTGATATCCAGATTAATTTGAGGGGCTGACAAATACCACTGTAGATAGATTAAGTTCAT 2700
Qy 2701 GTCTGTTTTGGCTTCTTTGCTCACTTGTACCTGCTGCTGCTTAACTTAACTCCATCT 2760
Db 2701 GTCTGTTTTGGCTTCTTTGCTCACTTGTACCTGCTGCTGCTTAACTTAACTCCATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAACGTTTGGAGAAATGTTTGGAACTTAACTAAGACCGAGAGGTTTTTCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTTTGGAGAAATGTTTGGAACTTAACTAAGACCGAGAGGTTTTTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGTGGACATATGAGCGGCTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGTGGACATATGAGCGGCTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTATCAGTGCAGTACGTTCTTTGGGACTGACTAGGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTATCAGTGCAGTACGTTCTTTGGGACTGACTAGGGT 2940
Qy 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGCTCTGGAAGTGTATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGCTCTGGAAGTGTATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTTCTCTTAACTGTTTGTGAGAAATGTTTGTCTTAAAGCACTTGCA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTCTCTTAACTGTTTGTGAGAAATGTTTGTCTTAAAGCACTTGCA 3060
Qy 3061 TGTGATGTTCTGCTATATGATTTTGTGCTGAACTATACATTTGAGAGCCATTTTCCC 3120
Db 3061 TGTGATGTTCTGCTATATGATTTTGTGCTGAACTATACATTTGAGAGCCATTTTCCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAAAGCACTTGTGCTGTGGGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAAGAAAGCACTTGTGCTGTGGGAC 3180
Qy 3181 GGTGATGTTTGTGCTGTTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3240
Db 3181 GGTGATGTTTGTGCTGTTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3240
Qy 3241 GCGCGCAGATGGGTGGGCTATTAACGCACTTTTAACTGCTGAGTCTCTGAAACGTG 3300
Db 3241 GCGCGCAGATGGGTGGGCTATTAACGCACTTTTAACTGCTGAGTCTCTGAAACGTG 3300
Qy 3301 CACGCTGTCAAGCAATGAGTGTCTATGACCTGTATAGACCCCGGAACTTGTGATG 3360
Db 3301 CACGCTGTCAAGCAATGAGTGTCTATGACCTGTATAGACCCCGGAACTTGTGATG 3360
Qy 3361 TATCTTCAGATTAGATCTTGGGCACTAGCTAATGAGATTTGTTTGTGCAACGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGATCTTGGGCACTAGCTAATGAGATTTGTTTGTGCAACGTGT 3420
Qy 3421 GTATATGCTCACTAGCAATGAGGAGGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3480
Db 3421 GTATATGCTCACTAGCAATGAGGAGGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3480
Qy 3481 CCCAATAACCGTTGACGCGGCTTAAATGACAGGACATCTATCAACCAATGTGAGCTG 3540
Db 3481 CCCAATAACCGTTGACGCGGCTTAAATGACAGGACATCTATCAACCAATGTGAGCTG 3540
Qy 3541 GTCCCTTAACTGCTGCTTGTGCGGAGAGCCAAAGGGGTATCTGTAAACAGACTGGGCT 3600
Db 3541 GTCCCTTAACTGCTGCTTGTGCGGAGAGCCAAAGGGGTATCTGTAAACAGACTGGGCT 3600
Qy 3601 ATTGTTGAGGTCAAAATCCGATGACCTTATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAT 3660
Db 3601 ATTGTTGAGGTCAAAATCCGATGACCTTATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAT 3660
Qy 3661 GGCTGTTGCCAAGGTTCTTCAAGTGCAGGATCTGTGCTCTCCGGGCACTTATTTGG 3720
Db 3661 GGCTGTTGCCAAGGTTCTTCAAGTGCAGGATCTGTGCTCTCCGGGCACTTATTTGG 3720
Qy 3721 GATGTTCAACGCTGTAGAAATTTCTGGCGTTCACTGATGATTAAGGTTAGGCGCTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACGCTGTAGAAATTTCTGGCGTTCACTGATGATTAAGGTTAGGCGCTT 3780
Qy 3781 GGTTGTGCTGATATACCATCCCGATCACAGACATGCACTCTTATACAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTTGTGCTGATATACCATCCCGATCACAGACATGCACTCTTATACAAACCTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAAAGATTAATCACTGCAAAATTTTAAATTTTCCCACTGACAGCGGCAAGTCA 3900
Db 3841 TGTGCTTAAAGATTAATCACTGCAAAATTTTAAATTTTCCCACTGACAGCGGCAAGTCA 3900
Qy 3901 CAAATTTACCACTTTCTTAACTGACAGAGAGTATGAGTCTGTGCTTAAATCCACAGT 3960
Db 3901 CAAATTTACCACTTTCTTAACTGACAGAGAGTATGAGTCTGTGCTTAAATCCACAGT 3960
Qy 3961 GGCTACAAACAGCATCAATGCAAAAGTACAGCAAGGAGCTGATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGCTACAAACAGCATCAATGCAAAAGTACAGCAAGGAGCTGATCCAAATTTG 4020
Qy 4021 CTAATTTTAAAGCAAAATGATACCAACAGAGGCTTCACTTACAGACATATGCGAT 4080
Db 4021 CTAATTTTAAAGCAAAATGATACCAACAGAGGCTTCACTTACAGACATATGCGAT 4080
Qy 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCGGAACTATGATGATATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCGGAACTATGATGATATCATTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACACGCTGTTGGGCACTTGAAGAGTCTTAAACGAGCTCCATCCAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACGCTGTTGGGCACTTGAAGAGTCTTAAACGAGCTCCATCCAA 4200
Qy 4201 TGTGAGCTGATGTTTCTTCCACAGGCTACCCCCCTGAGATATCCCTACACCAATGC 4260
Db 4201 TGTGAGCTGATGTTTCTTCCACAGGCTACCCCCCTGAGATATCCCTACACCAATGC 4260
Qy 4261 CAACATACCTGATTAATTAACCAATGAAAGCACTATCCCTTATGAGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATACCTGATTAATTAACCAATGAAAGCACTATCCCTTATGAGAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACAAAAACACTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACAAAAACACTG 4380
Qy 4381 TGAATGACCTTGAACAGTAACTGCAAGGAGAAATTAACAGCTGTCTTATTAAGGG 4440
Db 4381 TGAATGACCTTGAACAGTAACTGCAAGGAGAAATTAACAGCTGTCTTATTAAGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGCGACTGTGTATGTTGCTGCTGCTGCTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGCGACTGTGTATGTTGCTGCTGCTGCTG 4500
Qy 4501 TACAGGCTACACTGAGTAACTTGAATTCGATATGATGAGAGCTCATGGTGAAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGCTACACTGAGTAACTTGAATTCGATATGATGAGAGCTCATGGTGAAGGAC 4560
Qy 4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTCACTTCAACATGGTGTGTGTGTGCGGGTTTACG 4620
Db 4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTCACTTCAACATGGTGTGTGTGTGCGGGTTTACG 4620
Qy 4621 AATATGTTAAAGCGAGCTGAGGCGGCAAGGCGGTGAGAGAGCTGATATCTACTA 4680
Db 4621 AATATGTTAAAGCGAGCTGAGGCGGCAAGGCGGTGAGAGAGCTGATATCTACTA 4680
Qy 4681 TGTAGACGGGAGTTGTAACCCCTTCCGGTATGTTTCTGAAATGCAACATTTGTGAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGGAGTTGTAACCCCTTCCGGTATGTTTCTGAAATGCAACATTTGTGAAGCTT 4740
Qy 4741 CGAGCAGCCCAAGCAATGATGTTTGTGATCAACAGAACTCAAACTATTTGACAC 4800
Db 4741 CGAGCAGCCCAAGCAATGATGTTTGTGATCAACAGAACTCAAACTATTTGACAC 4800
Qy 4801 CTATCGCAACCAACTGAGTTACTGCTGATGAGAGCAAAATTTGAGCAAGTGTGCTGAT 4860
Db 4801 CTATCGCAACCAACTGAGTTACTGCTGATGAGAGCAAAATTTGAGCAAGTGTGCTGAT 4860
```

QY 4861 CTTTCTATGTCACACCCGGAACCTTCATTGTTGCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
DB 4861 CTTTCTATGTCACACCCGGAACCTTCATTGTTGCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
QY 4921 TTAATGTTTGTGACTGACAGCCCACTACACTGTGTCTATGATATGCTATGCTGCTCC 4980
DB 4921 TTAATGTTTGTGACTGACAGCCCACTACACTGTGTCTATGATATGCTATGCTGCTCC 4980
QY 4981 CAATGACGACACGAGGTGACAGGAGCCGCTGAGGAAAAAACTGTGAGGGTCTGTG 5040
DB 4981 CAATGACGACACGAGGTGACAGGAGCCGCTGAGGAAAAAACTGTGAGGGTCTGTG 5040
QY 5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGTGACAGCCGACAGCCGAGGTGACAGATACCA 5100
DB 5041 GCGCTTGAACGCGCTGACGCTGTCTGTGACAGCCGACAGCCGAGGTGACAGATACCA 5100
QY 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGGACAGCCGACCTGCTGTGGGCTTGGAGT 5160
DB 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGGACAGCCGACCTGCTGTGGGCTTGGAGT 5160
QY 5161 GCGTATGCTTATCTAGACCACTTTGAGCGCACTTGTGAGCGGCTGTGCTGTGCTG 5220
DB 5161 GCGTATGCTTATCTAGACCACTTTGAGCGCACTTGTGAGCGGCTGTGCTGTGCTGCTG 5220
QY 5221 TATTGATCAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGCGCCCAAGTGTGACGAGAAAGAAATGCT 5280
DB 5221 TATTGATCAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGCGCCCAAGTGTGACGAGAAAGAAATGCT 5280
QY 5281 GAGAGAGTGTGATCTTATCTTCTTGGAGGCACTGTTGCTGCAATGATTAAGTGA 5340
DB 5281 GAGAGAGTGTGATCTTATCTTCTTGGAGGCACTGTTGCTGCAATGATTAAGTGA 5340
QY 5341 GAGTCAATCAACCAACTAGTCTTTCATTTGAGAAACGCGCTTGAAGAACTTAACAC 5400
DB 5341 GAGTCAATCAACCAACTAGTCTTTCATTTGAGAAACGCGCTTGAAGAACTTAACAC 5400
QY 5401 CTTTCTGAGGCTCACTGACGCTACATCTTGTGATCATGATATGCTGTGCTGTGAT 5460
DB 5401 CTTTCTGAGGCTCACTGACGCTACATCTTGTGATCATGATATGCTGTGCTGTGAT 5460
QY 5461 CACTTACCTGACATCTTGTGATCATGATGCTGTTGCTTTCATTTGAGGAGGATTAACAC 5520
DB 5461 CACTTACCTGACATCTTGTGATCATGATGCTGTTGCTTTCATTTGAGGAGGATTAACAC 5520
QY 5521 CCACACTCTCAAGATCAAAATGCTGCTCATTTATTTGAGGAGGCAATTTGCTGCA 5580
DB 5521 CCACACTCTCAAGATCAAAATGCTGCTCATTTATTTGAGGAGGCAATTTGCTGCA 5580
QY 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGCGCTTCAATGATGCGCGGAGCTGCGGAAACAGCTT 5640
DB 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGCGCTTCAATGATGCGCGGAGCTGCGGAAACAGCTT 5640
QY 5641 TGTGATGATGACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
DB 5641 TGTGATGATGACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
QY 5701 ATTCACGCTGCTTGAACATTTAAATGCTTGAATGAGTGAAGGAGGAGGAGTGTGAGT 5760
DB 5701 ATTCACGCTGCTTGAACATTTAAATGCTTGAATGAGTGAAGGAGGAGGAGTGTGAGT 5760
QY 5761 TGTGATGATGATCTACTCGCGCTTCAATCGCGCGGAGAGTGTGAGGAGTGTGAGT 5820
DB 5761 TGTGATGATGATCTACTCGCGCTTCAATCGCGCGGAGAGTGTGAGGAGTGTGAGT 5820
QY 5821 TGTGATGATGATGCTTGTGACACAGAGGAGGAGGAGTCACTGCGGCTTGAAGTGTGAGT 5880
DB 5821 TGTGATGATGATGCTTGTGACACAGAGGAGGAGGAGTCACTGCGGCTTGAAGTGTGAGT 5880
QY 5881 TATGCTGCTAGAGGAGGAGGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5940
DB 5881 TATGCTGCTAGAGGAGGAGGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5940

QY 5941 CAGGAGATTAATGAGGATCTTGAAGGATCTTACCCCTGAGAGTGTATATCACTTGTGAT 6000
DB 5941 CAGGAGATTAATGAGGATCTTGAAGGATCTTACCCCTGAGAGTGTATATCACTTGTGAT 6000
QY 6001 CCGTGGCTGACACCCCGAGAGGAGATTTGCGGCTCACTTGTGAGGAGTGTGAGT 6060
DB 6001 CCGTGGCTGACACCCCGAGAGGAGATTTGCGGCTCACTTGTGAGGAGTGTGAGT 6060
QY 6061 TTTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6120
DB 6061 TTTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6120
QY 6121 GAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6180
DB 6121 GAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6180
QY 6181 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6240
DB 6181 CTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6240
QY 6241 TGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6300
DB 6241 TGTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6300
QY 6301 AGGAGCTGTTCAAGTCAACGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6360
DB 6301 AGGAGCTGTTCAAGTCAACGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6360
QY 6361 GACTAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6420
DB 6361 GACTAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6420
QY 6421 TCACATTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6480
DB 6421 TCACATTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6540
DB 6481 CTTGAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6540
QY 6541 AACTCTTGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6600
DB 6541 AACTCTTGAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6660
DB 6601 GCTTCCCTTCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6660
QY 6661 TGCATTTGAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6720
DB 6661 TGCATTTGAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6720
QY 6721 GTTCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6780
DB 6721 GTTCCCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6780
QY 6781 AGCTGCGTTGAACACCAACCTGACGCGCTTCACTGAGAGGATGATGATGATGATGATGAT 6840
DB 6781 AGCTGCGTTGAACACCAACCTGACGCGCTTCACTGAGAGGATGATGATGATGATGATGAT 6840
QY 6841 GCGGCAAGTTCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 6900
DB 6841 GCGGCAAGTTCGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 6900
QY 6901 AGGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6960
DB 6901 AGGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6960
QY 6961 CCGTCTTCAACCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7020
DB 6961 CCGTCTTCAACCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7020
QY 7021 GTTGAACCTTCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7080

```
Db 7021 GTGTAACTTTCACCTGCAATGGAGTGCATGACCCAAACAGCGGAGCCCTGAGTGA 7080
Qy 7081 TTTACCCAGTTAACCTCCCAAAAAGAGAGTCTCTGATAGTGTGTCAGAC 7140
Db 7081 TTTACCCAGTTAACCTCCCAAAAAGAGAGTCTCTGATAGTGTGTCAGAC 7140
Qy 7141 GGCTACAAACCTTTTCAGCTACGTTACTGCCCCCGTAACTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Db 7141 GGCTACAAACCTTTTCAGCTACGTTACTGCCCCCGTAACTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTCCACTAGTACGCCCCCGCAAAAGGCTTACAAAAGAAAGTGGGAAAGAGTGT 7260
Db 7201 TTCCACTAGTACGCCCCCGCAAAAGGCTTACAAAAGAAAGTGGGAAAGAGTGT 7260
Qy 7261 TTCTGACAGACATGAGCTACACCTGAGACCGAGCTGATAGTCTTCAAAACCTGCTTAAAGT 7320
Db 7261 TTCTGACAGACATGAGCTACACCTGAGACCGAGCTGATAGTCTTCAAAACCTGCTTAAAGT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGCCCATCACTAGTGTGTTTCTTCAAAACAAAGATCATTGGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGCCCATCACTAGTGTGTTTCTTCAAAACAAAGATCATTGGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCCGCGGGAGTGGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGACAACTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCCGCGGGAGTGGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGACAACTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATATACCAACAGAGTGAATGGCTTAGGAAAAAGCTTCAAAAGTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATCATATACCAACAGAGTGAATGGCTTAGGAAAAAGCTTCAAAAGTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTCAATGTGGGACTATGATGAGTAGAGCTACACGCGCTTCAAGTGTGTAAGT 7560
Db 7501 CGGTGTCAATGTGGGACTATGATGAGTAGAGCTACACGCGCTTCAAGTGTGTAAGT 7560
Qy 7561 CCAATCACTGGCCCTTGGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGACAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCAATCACTGGCCCTTGGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGACAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGACTGTGAGAAGTGTGTGAGGAGGAGTGAATACCGAGTCAATATCGGCAAACTGTAT 7680
Db 7621 GGACTGTGAGAAGTGTGTGAGGAGGAGTGAATACCGAGTCAATATCGGCAAACTGTAT 7680
Qy 7681 AGTTCAAAGAGAGAGTCTTCTGTGAAAGACCCCGCAAAACCAAAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCAAAGAGAGAGTCTTCTGTGAAAGACCCCGCAAAACCAAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTTGAATGAGATGTGTGAGAAAGTGTACTACGGTCAAGT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTTGAATGAGATGTGTGAGAAAGTGTACTACGGTCAAGT 7800
Qy 7801 TGCTTCCTACAGTAAAGTGTGTATGAGGAGATGCGTACGGGTTTGTATGATCCAGTATC 7860
Db 7801 TGCTTCCTACAGTAAAGTGTGTATGAGGAGATGCGTACGGGTTTGTATGATCCAGTATC 7860
Qy 7861 CGGTGTCAAGGCTGTGTTGAGTGTGTGACCCGATGAGTGGAGGCAATGCGATAC 7920
Db 7861 CGGTGTCAAGGCTGTGTTGAGTGTGTGACCCGATGAGTGGAGGCAATGCGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAACATATACATCACACCGAGATATCATGTGTGAGACAGATCTACTC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAACATATACATCACACCGAGATATCATGTGTGAGACAGATCTACTC 7980
Qy 7981 AGCAGCTAACTCACTGACCAACACCGAGCTGGCACTTACACCAATGCGAGGCACTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTAACTCACTGACCAACACCGAGCTGGCACTTACACCAATGCGAGGCACTTATA 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGACCGAGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATGGAATATCTAGGTGTAGTGC 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGAGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATGGAATATCTAGGTGTAGTGC 8100
Qy 8101 TTCCGGGCTTATATCACTCAAGTTCCAAGTTCGAGTGTGAGCTGAGAGTAAATGC 8160
Db 8101 TTCCGGGCTTATATCACTCAAGTTCCAAGTTCGAGTGTGAGCTGAGAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAAACAGGCTGGCATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGATGATGAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGAAACAGGCTGGCATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGATGATGAC 8220
Qy 8221 CGTAAATTTGGAAGGCGCGGAGACAGATGACAGCAAAACAGCAATGCGTGTCTTGTGAG 8280
Db 8221 CGTAAATTTGGAAGGCGCGGAGACAGATGACAGCAAAACAGCAATGCGTGTCTTGTGAG 8280
Qy 8281 CTGATGAGAGTGTGAGGTGTGACCAACAAAGTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTGGA 8340
Db 8281 CTGATGAGAGTGTGAGGTGTGACCAACAAAGTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTGGA 8340
Qy 8341 AAGATTAACATCATGCTCATCAATGAATGTTACCTCTGSAATTTACAAATGCGCAACCTTA 8400
Db 8341 AAGATTAACATCATGCTCATCAATGAATGTTACCTCTGSAATTTACAAATGCGCAACCTTA 8400
Qy 8401 CTACTTTCTTACAAAGATCTCTGATCCCTTGGCAGGTGCTGTGCGAGGCTGTGG 8460
Db 8401 CTACTTTCTTACAAAGATCTCTGATCCCTTGGCAGGTGCTGTGCGAGGCTGTGG 8460
Qy 8461 ATACACCCCAAGTGTGAGATGAGTGTGATCTAATATCACTACATCCATGTTGTGGT 8520
Db 8461 ATACACCCCAAGTGTGAGATGAGTGTGATCTAATATCACTACATCCATGTTGTGGT 8520
Qy 8521 TAGCCGTGTGTGCTGTCCATTTCAATGAGACAGATGCTCTTGAAGCAAACTTCCCGA 8580
Db 8521 TAGCCGTGTGTGCTGTCCATTTCAATGAGACAGATGCTCTTGAAGCAAACTTCCCGA 8580
Qy 8581 GACGTGACCTTTGACTGTGATGAGGAAAAATTAACGGTGTGCTGAGAAATCTGCGAG 8640
Db 8581 GACGTGACCTTTGACTGTGATGAGGAAAAATTAACGGTGTGCTGAGAAATCTGCGAG 8640
Qy 8641 CATATGCTGTGTGTGACAGGATTAAGAGCTTTCTCGGTGTGTGCTTACACCAACGCTGA 8700
Db 8641 CATATGCTGTGTGTGACAGGATTAAGAGCTTTCTCGGTGTGTGCTTACACCAACGCTGA 8700
Qy 8701 GATCCTGAGATTTCCCAATCATACACAGATGACATGCCCCCGTGGAGGCTGTGG 8760
Db 8701 GATCCTGAGATTTCCCAATCATACACAGATGACATGCCCCCGTGGAGGCTGTGG 8760
Qy 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGTCTCGCCAGCGCCAGAGGCGTGGCGAGACACGCAAAATTT 8820
Db 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGTCTCGCCAGCGCCAGAGGCGTGGCGAGACACGCAAAATTT 8820
Qy 8821 GGTCTGCTTCTTCTGTGAGATGCTATGAGCTTCTTACCAAGATTTGATTAAGACGAG 8880
Db 8821 GGTCTGCTTCTTCTGTGAGATGCTATGAGCTTCTTACCAAGATTTGATTAAGACGAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTCGGTACCACTTTCATTAATGAGATGTTTACCTCCCGAGAGGGGAGTGTGTT 8940
Db 8881 CGTGGCTCGGTACCACTTTCATTAATGAGATGTTTACCTCCCGAGAGGGGAGTGTGTT 8940
Qy 8941 TATTAACACACAGAGAGATTTGAGAGATTTCTGTGAAGTATTTGGCTGATGTTT 9000
Db 8941 TATTAACACACAGAGAGATTTGAGAGATTTCTGTGAAGTATTTGGCTGATGTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTAGGGCTCATCTGTGTGATTAAGCATCAGCTGAACCCCAAAATTCAAAATTTA 9060
Db 9001 TGCCCTAGGGCTCATCTGTGTGATTAAGCATCAGCTGAACCCCAAAATTCAAAATTTA 9060
Qy 9061 CTAAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCAAGCGGCAACAGGGGAAACCCCGGGC 9120
Db 9061 CTAAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCAAGCGGCAACAGGGGAAACCCCGGGC 9120
Qy 9121 TTAACGACCCCGCGAGATGATGTTTGGCGACCAATGTGTGATCAGAACCGTTTGGGCTGAA 9180
Db 9121 TTAACGACCCCGCGAGATGATGTTTGGCGACCAATGTGTGATCAGAACCGTTTGGGCTGAA 9180
Qy 9181 GGCATGTCTGAAGGGGATGACGTCCTTGTGCTCATTCACAAAACCGTCTCGGGTGG 9240
Db 9181 GGCATGTCTGAAGGGGATGACGTCCTTGTGCTCATTCACAAAACCGTCTCGGGTGG 9240
```

```
QY 9241 GTGAGAGTCTGCTGTGTGTGGAGAGCAATCAATATTCCTGCTGTGTGTGTGACCC 9300
DB 9241 GTGAGAGTCTGCTGTGTGTGGAGAGCAATCAATATTCCTGCTGTGTGTGTGACCC 9300
QY 9301 CTCAGAGGTATTTTCGCTGTGTGAGAGCGTAGACCAAGGGCTGCACCCCGGTTTGG 9360
DB 9301 CTCAGAGGTATTTTCGCTGTGTGAGAGCGTAGACCAAGGGCTGCACCCCGGTTTGG 9360
QY 9361 TTCGAAGCGAGGAGCAACCCCGCTTGGATTTAAACT 9399
DB 9361 TTCGAAGCGAGGAGCAACCCCGCTTGGATTTAAACT 9399

RESULT 4
ADA77752
ID ADA77752 standard; cDNA; 9397 BP.
AC ADA77752;
XX
XX 20-NOV-2003 (first entry)
XX
XX Genomic hepatitis GB virus B (GBV-B) replicon cDNA sequence.
XX
XX GB virus-B; GBV-B; replicon; autonomous replication; NS3-NS5B; HCV;
XX hepatitis C virus; antiviral; anti-HCV; neomycin phosphotransferase gene;
XX neo; ss.
XX
XX Hepatitis GB virus B.
XX
XX Key Location/Qualifiers
XX 5'UTR 1..445
XX FT /*tag= a
XX FT 446..9040
XX FT /*tag= b
XX FT /product= "GBV-B polypeptide"
XX FT /note= "From core protein to non structural protein 5B"
XX FT 7268..9040
XX FT /*tag= c
XX FT /partial
XX FT /product= "Non structural protein 5B (NS5B)"
XX FT /note= "NS5B is an RNA dependent RNA polymerase; start
XX FT codon is absent"
XX FT 9038..9397
XX FT /*tag= d
XX
XX 3'UTR
XX
XX MO2003059944-A2.
XX
XX 24-JUL-2003.
XX
XX 13-JAN-2003; 2003WO-EP000281.
XX
XX 15-JAN-2002; 2002US-0348573P.
XX
XX 06-JUN-2002; 2002US-038655P.
XX
XX (RICE-) IST RICERCHE BIOL MOLECOLARE ANGELETTI.
XX
XX De Tommasi A, Graziani R, Paonessa G, Traboni C;
XX
XX WPI; 2003-598503/56.
XX
XX P-PSDB; ADA77730.
XX
XX New GB virus B (GBV-B) replicon for identifying compounds that inhibit
XX GBV-B or hepatitis C virus, comprises a GBV-B 5' UTR, a selection or
XX reporter sequence, an internal ribosome entry site, an NS3-NS5B sequence,
XX and a GBV-B 3' UTR.
XX
XX Claim 3; Fig 2; 81pp; English.
XX
XX This invention relates to a novel GB virus-B (GBV-B) replicon and
XX replicon enhanced cells. A GBV-B replicon is an RNA molecule able to
XX autonomously replicate in a cultured cell to produce detectable levels of
XX one or more GBV-B proteins. Specifically, it may comprise the GBV-B 5'
```

```
CC UTR, GBV-B structural region, selection or reporter sequence, internal
CC ribosome entry site, NS3-NS5B sequence, and GBV-B 3' UTR. Accordingly,
CC they are useful in providing tools for studying GBV-B replication,
CC polypeptide production and processing, identifying compounds that inhibit
CC GBV-B, providing a surrogate model for identifying compounds that inhibit
CC HCV, and providing a scaffold for producing GBV-B/HCV chimeric replicons.
CC Due to the similarity between GBV-B and the hepatitis C virus (HCV),
CC compounds that inhibit GBV-B may be useful antiviral agents, specifically
CC anti-HCV agents. The GBV-B subgenomic replicon constructs termed GBV-B-
CC neo-RepA (neo-RepA), neo-RepB, neo-RepC and neo-RepD were produced by
CC replacing the regions coding for structural proteins and the NS2 protein
CC with the sequences of neomycin phosphotransferase gene (neo) and the
CC encephalomyocarditis virus (EMCV) internal ribosome entry site (IRES) in
CC the plasmid FL3/PAC17. This polynucleotide sequence is the genomic GBV
CC -B replicon cDNA sequence of the invention.
XX
XX Sequence 9397 BP; 2125 A; 2331 C; 2431 G; 2510 T; 0 U; 0 Other;
SQ

Query Match 99.3%; Score 9329; DB 9; Length 9397;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9362; Conservative 0; Mismatches 35; Indels 2; Gaps 1;

QY 1 ACCCAAAACATCTCCAGTTTGTACACTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCCCTAG 60
DB 1 ACCCAAAACATCTCCAGTTTGTACACTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACACCCCCCTAG 60
QY 61 CAGGCGGTGGGGAATTTCCCTGCTGTCAGAAAGGTGAGCAACACTTAT 120
DB 61 CAGGCGGTGGGGAATTTCCCTGCTGTCAGAAAGGTGAGCAACACTTAT 120
QY 121 GTAGCGCGGAGCTCATGAGAGCTCGGTATGACAAAGCGCAAGCTGACTGATGATGC 180
DB 121 GTAGCGCGGAGCTCATGAGAGCTCGGTATGACAAAGCGCAAGCTGACTGATGATGC 180
QY 181 CCTGATGGGCGTTCATGAGGTTCCGATGATGAGCGCTTAAAGCAAGCTCCAGCCACCA 240
DB 181 CCTGATGGGCGTTCATGAGGTTCCGATGATGAGCGCTTAAAGCAAGCTCCAGCCACCA 240
QY 181 CCTGATGGGCGTTCATGAGGTTCCGATGATGAGCGCTTAAAGCAAGCTCCAGCCACCA 240
DB 181 CCTGATGGGCGTTCATGAGGTTCCGATGATGAGCGCTTAAAGCAAGCTCCAGCCACCA 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGAAGACCGGGAACCGGTCACTACCAAGAGAG 300
DB 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGAAGACCGGGAACCGGTCACTACCAAGAGAG 300
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGAAGACCGGGAACCGGTCACTACCAAGAGAG 300
DB 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGAAGACCGGGAACCGGTCACTACCAAGAGAG 300
QY 301 CAGACCTTTTGTAGTATACAGCTCCGGAAGATAGTTGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
DB 301 CAGACCTTTTGTAGTATACAGCTCCGGAAGATAGTTGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
QY 301 CAGACCTTTTGTAGTATACAGCTCCGGAAGATAGTTGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
DB 301 CAGACCTTTTGTAGTATACAGCTCCGGAAGATAGTTGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
QY 361 TGGATGTTGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGATAGGTCCTTGGAGAGGAT 420
DB 361 TGGATGTTGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGATAGGTCCTTGGAGAGGAT 420
QY 421 CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACACATGCTGTTATTTCTCACTCAAAAGAGCTGTAC 480
DB 421 CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACACATGCTGTTATTTCTCACTCAAAAGAGCTGTAC 480
QY 481 TGGCGCCGAAGCGGCAAGAACCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 540
DB 481 TGGCGCCGAAGCGGCAAGAACCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 540
QY 481 TGGCGCCGAAGCGGCAAGAACCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 540
DB 481 TGGCGCCGAAGCGGCAAGAACCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 540
QY 541 ATCTGTTGAAGGGGACAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
DB 541 ATCTGTTGAAGGGGACAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
QY 541 ATCTGTTGAAGGGGACAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
DB 541 ATCTGTTGAAGGGGACAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
QY 601 TTACAAAATTCCTGTATTCATGATGCTTTCAGACATTTGCTCAGGCTCTTCCAGC 660
DB 601 TTACAAAATTCCTGTATTCATGATGCTTTCAGACATTTGCTCAGGCTCTTCCAGC 660
QY 601 TTACAAAATTCCTGTATTCATGATGCTTTCAGACATTTGCTCAGGCTCTTCCAGC 660
DB 601 TTACAAAATTCCTGTATTCATGATGCTTTCAGACATTTGCTCAGGCTCTTCCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGCGCCCAAGACCTTCGCAATAGCTTCGATCTTGAATCTTCTGGA 720
DB 661 TCATGTTGGGAGCGCCCAAGACCTTCGCAATAGCTTCGATCTTGAATCTTCTGGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGAGTGTATGATGATTTACCACTCAGACCTCTAGTAGGCGGCTGAT 780
DB 721 TTACCTTTGGGAGTGTATGATGATTTACCACTCAGACCTCTAGTAGGCGGCTGAT 780
```


OY	781	GGCAGAGAGCGGTCGCTTGCAACCAAGCTCGCABAATAGTACGCTTGCTGGAGAGATGGAGTCAA	840
Db	781	GGCAGAGAGCGGTCGCTTGCAACCAAGCTCGCABAATAGTACGCTTGCTGGAGAGATGGAGTCAA	840
OY	841	CTGGGCTACTGTTGGTTCGGTGTCCACCTTTTGTGGTATGTCTGCATCTTTGGGCTG	900
Db	841	CTGGGCTACTGTTGGTTCGGTGTCCACCTTTTGTGGTATGTCTGCATCTTTGGGCTG	900
OY	901	TCCCTGTATGTGGGCGCGGGTCACTGACCCAGACACAATAATACAAATCTGTACCAATG	960
Db	901	TCCCTGTATGTGGGCGCGGGTCACTGACCCAGACACAATAATACAAATCTGTACCAATG	960
OY	961	CTGGCAGGGTATCAGGTTATCTAATTTGTTCTCTTCCACTTGGCTTACACAGAGCTGGATG	1020
Db	961	CTGGCAGGGTATCAGGTTATCTAATTTGTTCTCTTCCACTTGGCTTACACAGAGCTGGATG	1020
OY	1021	TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTAACATCCACACCTTCCAA	1080
Db	1021	TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTAACATCCACACCTTCCAA	1080
OY	1081	TTGGACTGTGGCACGGACTCTCTTGGCTTGACCAATTGATTTTGTATGTGGCGCTCTTGT	1140
Db	1081	TTGGACTGTGGCACGGACTCTCTTGGCTTGACCAATTGATTTTGTATGTGGCGCTCTTGT	1140
OY	1141	GACCGTGAAGCCCTGTGACATTGGTGAATGTGTGGGCGGTATTAATGACGGTACTG	1200
Db	1141	GACCGTGAAGCCCTGTGACATTGGTGAATGTGTGGGCGGTATTAATGACGGTACTG	1200
OY	1201	GCTTGTCAAGGACTGTGCTTATTTCACTATGACCTCAATGAATGTAATCTTGTATCTGGA	1260
Db	1201	GCTTGTCAAGGACTGTGCTTATTTCACTATGACCTCAATGAATGTAATCTTGTATCTGGA	1260
OY	1261	AGTGGCCACTGGAATAGATCCTGGGTTCTGTGGGTTTATCGGGTGAATGGCGGCAAGT	1320
Db	1261	AGTGGCCACTGGAATAGATCCTGGGTTCTGTGGGTTTATCGGGTGAATGGCGGCAAGT	1320
OY	1321	CGAGGCTGTCAATCTTTTGACCAAACTGGGCTTGAAGTATCATACGCTAATFGGACTAT	1380
Db	1321	CGAGGCTGTCAATCTTTTGACCAAACTGGGCTTGAAGTATCATACGCTAATFGGACTAT	1380
OY	1381	GTTTAGCAGTGTACACTACCTGTGGCGGTTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGCAA	1440
Db	1381	GTTTAGCAGTGTACACTACCTGTGGCGGTTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGCAA	1440
OY	1441	GTGATATCAGTTGCTCCTAGCGCTTATGCTTTACATGAAAGCACTCTTGAAACCTTAT	1500
Db	1441	GTGATATCAGTTGCTCCTAGCGCTTATGCTTTACATGAAAGCACTCTTGAAACCTTAT	1500
OY	1501	CAGGGTGGCCACTGGATGTCTCAATATGCTGAATTTTGCTCGCTTGTAGATACATATCC	1560
Db	1501	CAGGGTGGCCACTGGATGTCTCAATATGCTGAATTTTGCTCGCTTGTAGATACATATCC	1560
OY	1561	TTGGCACTCTAATTGAGTGAAGATGTGTCAAGATCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGAAC	1620
Db	1561	TTGGCACTCTAATTGAGTGAAGATGTGTCAAGATCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGAAC	1620
OY	1621	CAGGCTATCACTCTAGATATTAACAACTCCATATCTTGGTATACCCCTATATCAATCTCTGG	1680
Db	1621	CAGGCTATCACTCTAGATATTAACAACTCCATATCTTGGTATACCCCTATATCAATCTCTGG	1680
OY	1681	TGGCAGGGGAGATGATGTTAAATTCAAAAATTAACAACATGGGGTGTGCGCGTATTTGCCAA	1740
Db	1681	TGGCAGGGGAGATGATGTTAAATTCAAAAATTAACAACATGGGGTGTGCGCGTATTTGCCAA	1740
OY	1741	TGTGCAATCTACTGCACTATGGGCACTGATGCTGTGAACAACAACCTCGCAACATTA	1800
Db	1741	TGTGCAATCTACTGCACTATGGGCACTGATGCTGTGAACAACAACCTCGCAACATTA	1800
OY	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACCATGAGCTTAACAACCGCATGGCAACAAGGCTCAAGCCTTGAA	1860
Db	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACCATGAGCTTAACAACCGCATGGCAACAAGGCTCAAGCCTTGAA	1860

QY	1861	ATTGGCTAATATTAACAATACCTGGGTCTAAAGAAACCTTTAAACCTCATATATGGATGTC	1920
Db	1861	ATTGGCTAATATTAACAATACCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGGATGTC	1920
QY	1921	AGGCATTTGTAATTTTAGGGATCAGATPACCCCATATAGTTTACTTTATATACCTGTGAA	1980
Db	1921	AGGCATTTGTAATTTTAGGGATCAGATPACCCCATATAGTTTACTTTATATACCTGTGAA	1980
QY	1981	TTCCACTCTCCCTACACCGAGAGGTGGGCTAGGTTGCCCGTACCCCACTGTGTACG	2040
Db	1981	TTCCACTCTCCCTACACCGAGAGGTGGGCTAGGTTGCCCGTACCCCACTGTGTACG	2040
QY	2041	TGCTTTCTTGTTAGTTACAGTTCCGCAAGGGTTTTACAGTATGTGAAABAACCTAGCACAGG	2100
Db	2041	TGCTTTCTTGTTAGTTACAGTTCCGCAAGGGTTTTACAGTATGTGAAABAACCTAGCACAGG	2100
QY	2101	ATTATATCACCAAAACAAAGCCTGGAAAATATACAGTCTTATATTCGCCACGGGTGC	2160
Db	2101	ATTATATCACCAAAACAAAGCCTGGAAAATATACAGTCTTATATTCGCCACGGGTGC	2160
QY	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTTACACCAAGCCGTGTGCTAATCTGTGTGGGGTTGTGTG	2220
Db	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTTACACCAAGCCGTGTGCTAATCTGTGTGGGGTTGTGTG	2220
QY	2221	CAGCAAGTATCTTATTTTACGCTACCTCTGTACTTGTCCCTTGTGTTTGGCGCGCTTC	2280
Db	2221	CAGCAAGTATCTTATTTTACGCTACCTCTGTACTTGTCCCTTGTGTTTGGCGCGCTTC	2280
QY	2281	TGTTTACCCCTTGGGCTCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCCAACTGGGCTGGAGTGT	2340
Db	2281	TGTTTACCCCTTGGGCTCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCCAACTGGGCTGGAGTGT	2340
QY	2341	TTTGTCTTAAAGCTCMAAGTAGCTCCTTTTGTGTTGATTTTCTTCATCTGTGCTATCTCG	2400
Db	2341	TTTGTCTTAAAGCTCMAAGTAGCTCCTTTTGTGTTGATTTTCTTCATCTGTGCTATCTCG	2400
QY	2401	CTGCAGGCTACGTTATGCTGCTCTTTAAGGTTTGTGCCATGTGCTGCGGCTTGCCCT	2460
Db	2401	CTGCAGGCTACGTTATGCTGCTCTTTAAGGTTTGTGCCATGTGCTGCGGCTTGCCCT	2460
QY	2461	AACCTTCTTGTGTCACAGCTGTGTGTCGCAACAGATTAATGACTGTGGTGGGTCGACCTGT	2520
Db	2461	AACCTTCTTGTGTCACAGCTGTGTGTCGCAACAGATTAATGACTGTGGTGGGTCGACCTGT	2520
QY	2521	AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGTGGGCGGCGGTAAACCGTGTGCACCGCATAGCTCTGCTGT	2580
Db	2521	AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGTGGGCGGCGGTAAACCGTGTGCACCGCATAGCTCTGCTGT	2580
QY	2581	AGGTCTTGTGCTCTGTGTAAGCGCTTTTAAACCTCTTGTCATTTGTGTAACGCGCTGTACG	2640
Db	2581	AGGTCTTGTGCTCTGTGTAAGCGCTTTTAAACCTCTTGTCATTTGTGTAACGCGCTGTACG	2640
QY	2641	TTTTTGATACCGAATAATTTGGAAGGGCTGCAAAATCCACTGTATACATTAAGTGTGCAT	2700
Db	2641	TTTTTGATACCGAATAATTTGGAAGGGCTGCAAAATCCACTGTATACATTAAGTGTGCAT	2700
QY	2701	GTCCTGTTTTGGACTCTTTTGCTCACTGTTAACCTCGCTGTGCTTTAGTTAACTCTATCT	2760
Db	2701	GTCCTGTTTTGGACTCTTTTGCTCACTGTTAACCTCGCTGTGCTTTAGTTAACTCTATCT	2760
QY	2761	TTGGCAACGTTGGAGAAATGTGTTTGGAAAGTTTACATAAGACCGGAGAGGTTTTTCT	2820
Db	2761	TTGGCAACGTTGGAGAAATGTGTTTGGAAAGTTTACATAAGACCGGAGAGGTTTTTCT	2820
QY	2821	TGTCTGTGTTGTGTTTCCCGGTGTGGAATATGACGCGCTGTGTACCTTCTGTGTGTCTCA	2880
Db	2821	TGTCTGTGTTGTGTTTCCCGGTGTGGAATATGACGCGCTGTGTACCTTCTGTGTGTCTCA	2880
QY	2881	CGTAGCTCTCTATGTTTAAATCATCATGTGACGATGCTTTTGGGAGTACTCATCTAGGGT	2940
Db	2881	CGTAGCTCTCTATGTTTAAATCATCATGTGACGATGCTTTTGGGAGTACTCATCTAGGGT	2940
QY	2941	TAGGGCCCATATGAATGTGTGTGCGCTTCGGAAAGGTGCATGCTGTGATTTCTCATATATGT	3000

QY 5161 GGCTATGGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCGCACTTGCTGCGCGTGTGCTC 5220
DB 5161 GGCTATGGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCGCACTTGCTGCGCGTGTGCTC 5220
QY 5221 TATTCATCAGTCCCTACCGGNGCTACTGTGCGCCCACTGGTGAAGAAATGCT 5280
DB 5221 TATTCATCAGTCCCTACCGGNGCTACTGTGCGCCCACTGGTGAAGAAATGCT 5280
QY 5281 GGAGAGTGTGATCATTCATTCCTTGAGAGCCATGTTGTCATCGAATGAGTGA 5340
DB 5281 GGAGAGTGTGATCATTCATTCCTTGAGAGCCATGTTGTCATCGAATGAGTGA 5340
QY 5341 GAGTACAAATCACCAACATAGTCTTTTCACTTGAACCCGCTTGAACCTTAAC 5400
DB 5341 GAGTACAAATCACCAACATAGTCTTTTCACTTGAACCCGCTTGAACCTTAAC 5400
QY 5401 CTTTCTTGGGCTCANTGACGTACAAATGCTTGTCTATCATAGATATTCCTGTGTT 5460
DB 5401 CTTTCTTGGGCTCANTGACGTACAAATGCTTGTCTATCATAGATATTCCTGTGTT 5460
QY 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGTGATCATGCGTGTGCTTCACTTGGGATTTACTAC 5520
DB 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGTGATCATGCGTGTGCTTCACTTGGGATTTACTAC 5520
QY 5521 CCCACTACCTCAACAAGATCAAAATGCTCTGTCAATTTTGAAGCGCAATTCGCTCAA 5580
DB 5521 CCCACTACCTCAACAAGATCAAAATGCTCTGTCAATTTTGAAGCGCAATTCGCTCAA 5580
QY 5581 GCTTACAAACGCTAAGAGCGCACTGCGCTTATGATGCGCGGCTGCGGAAACGCTCT 5640
DB 5581 GCTTACAAACGCTAAGAGCGCACTGCGCTTATGATGCGCGGCTGCGGAAACGCTCT 5640
QY 5641 TGGTACATGACATCGTGGGTTTGTCTTTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
DB 5641 TGGTACATGACATCGTGGGTTTGTCTTTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
QY 5701 ATCCACTGCTGCTTGAATTTAAATGCTTGAATGCTGAGTGGCCCACTATGATCACT 5760
DB 5701 ATCCACTGCTGCTTGAATTTAAATGCTTGAATGCTGAGTGGCCCACTATGATCACT 5760
QY 5761 TGTCTGTTTGAATCTACCGGCTTCAATCCGCGCGAGAGTGTGGGCGTCTTGTCAAC 5820
DB 5761 TGTCTGTTTGAATCTACCGGCTTCAATCCGCGCGAGAGTGTGGGCGTCTTGTCAAC 5820
QY 5821 TTGTGCAATGTTGCTTGAACAAGAGGCGAGATCATGCGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
DB 5821 TTGTGCAATGTTGCTTGAACAAGAGGCGAGATCATGCGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
QY 5881 TATGCTTCTAGAGCAACACTGTATGTATGATGATGATTTATGCACTCGTGACATCG 5940
DB 5881 TATGCTTCTAGAGCAACACTGTATGTATGATGATGATTTATGCACTCGTGACATCG 5940
QY 5941 CAGGAAGATCTGGGCTTCTGAGAGCATTAACCCCTGAGTGTCAATAGCTTGCAT 6000
DB 5941 CAGGAAGATCTGGGCTTCTGAGAGCATTAACCCCTGAGTGTCAATAGCTTGCAT 6000
QY 6001 CCGTGGCTCAACCCCGAGAGAGATGATGGGCGCTCATGCTTGGGCTTGAAGAT 6060
DB 6001 CCGTGGCTCAACCCCGAGAGAGATGATGGGCGCTCATGCTTGGGCTTGAAGAT 6060
QY 6061 TTGGCATGATGATGATGATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
DB 6061 TTGGCATGATGATGATGATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCATGATTAACATTCCTGCTGTTGCTTTTCAAGCTGCCAGAAAGGGGTCAAGGGCC 6180
DB 6121 GAGCATGATTAACATTCCTGCTGTTGCTTTTCAAGCTGCCAGAAAGGGGTCAAGGGCC 6180
QY 6181 CTGATTTGATCAAGTATGCTTCAAGCAAGCTGCTCATGCGGTGTGAACTCATCTTTTC 6240
DB 6181 CTGATTTGATCAAGTATGCTTCAAGCAAGCTGCTCATGCGGTGTGAACTCATCTTTTC 6240

QY 6241 TGTGAGATGCTTTTGGAAAACCTTTACAAAGAACCCGAACCTGTTCAAAATTAAGAG 6300
DB 6241 TGTGAGATGCTTTTGGAAAACCTTTACAAAGAACCCGAACCTGTTCAAAATTAAGAG 6300
QY 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGCTGTGTGGGCTGGCTGACCCGCAACCTGATTTG 6360
DB 6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGCTGTGTGGGCTGGCTGACCCGCAACCTGATTTG 6360
QY 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGAGGACTAGTCTGTAATTAATGAGAAATGGAGGA 6420
DB 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGAGGACTAGTCTGTAATTAATGAGAAATGGAGGA 6420
QY 6421 TCACATTTTGTTCACAGATATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGGTGCCCCAAC 6480
DB 6421 TCACATTTTGTTCACAGATATCTCTCCAAATGTCTGTTTCAACCGGTGCCCCAAC 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGACATGCGCGTGAAGCGGTGACGTTGAGTTATCTAGGTGAGCCCA 6540
DB 6481 CTTGAGAGCTGACATGCGCGTGAAGCGGTGACGTTGAGTTATCTAGGTGAGCCCA 6540
QY 6541 AACTCTTGAACGACATCTGCTGCTGTTACGCTCTGACCGGTAAAGGTAAACCTGTAA 6600
DB 6541 AACTCTTGAACGACATCTGCTGCTGTTACGCTCTGACCGGTAAAGGTAAACCTGTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCGCGTGAAGCGTCAACACTGCTGTGCGCATGCAACTTAAATTCGCTGA 6660
DB 6601 GCTTCCCTTCCGCGTGAAGCGTCAACACTGCTGTGCGCATGCAACTTAAATTCGCTGA 6660
QY 6661 TGCATTTGAGCAATAGCTGTAATTTCCAAACAAACATCTCTAGTATGAAAGCCGAGT 6720
DB 6661 TGCATTTGAGCAATAGCTGTAATTTCCAAACAAACATCTCTAGTATGAAAGCCGAGT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGTGGCGGCTGACAAACCAATTTGAGGCAATTC 6780
DB 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGTGGCGGCTGACAAACCAATTTGAGGCAATTC 6780
QY 6781 AGCTGGGCTGACCAACCAACTGCGAGCCCTCATGAGAGAGTGTGTAAGAA 6840
DB 6781 AGCTGGGCTGACCAACCAACTGCGAGCCCTCATGAGAGAGTGTGTAAGAA 6840
QY 6841 GCGCAGTTCGCGGCAAGAACTGCTGCTTACCTTGTGCTCCCTCCGAGATCCGTCCT 6900
DB 6841 GCGCAGTTCGCGGCAAGAACTGCTGCTTACCTTGTGCTCCCTCCGAGATCCGTCCT 6900
QY 6901 AGAGTGTGATGCTGTAAGAAAGCTGCAACGAAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
DB 6901 AGAGTGTGATGCTGTAAGAAAGCTGCAACGAAGTGAACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
QY 6961 CCTCCTTCAACCACTGTTTCAAGTTGGCCATGCGCATGCGCTGTTGAGAGCGGCTGA 7020
DB 6961 CCTCCTTCAACCACTGTTTCAAGTTGGCCATGCGCATGCGCTGTTGAGAGCGGCTGA 7020
QY 7021 GTGTAACTTTCATCTGCAATGATGTGCAATGACGAAACAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
DB 7021 GTGTAACTTTCATCTGCAATGATGTGCAATGACGAAACAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
QY 7081 TTTAACCAAGTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTGTAATGTCAGACGAAGAGTGTGAC 7140
DB 7081 TTTAACCAAGTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTGTAATGTCAGACGAAGAGTGTGAC 7140
QY 7141 GGCTACAAACGTTTCCAGTACTAGTTGCGCCCGCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
DB 7141 GGCTACAAACGTTTCCAGTACTAGTTGCGCCCGCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
QY 7201 TTCCATGATGACGCCCCCGCAACGCGCTTACAAAAGAGAGTTGGAAAGAGTGAAT 7260
DB 7201 TTCCATGATGACGCCCCCGCAACGCGCTTACAAAAGAGAGTTGGAAAGAGTGAAT 7260
QY 7261 TTGCTGAGATGAGCTACACTGAGACCGAGCTGATTAAGTTCAAACTGCTTCAAAAT 7320
DB 7261 TTGCTGAGATGAGCTACACTGAGACCGAGCTGATTAAGTTCAAACTGCTTCAAAAT 7320
QY 7321 TGTGTGCAACTGCGGCGCACTACTAGTGTCTTCTCAACAAAGATCATGCTGATGT 7380

Db	7321	TTGTGTGCAACTGGGCGCATCACTAGTGGTTTCTCAAAACAAAGATATTGGTATGT	7380
OY	7381	GACTGAGCGCGGGGATGCGGAGCTTAGAAAACAAAGTCACTATTATAGACAACCTCT	7440
Db	7381	GACTGAGCGCGGGGATGCGGAGCTTAGAAAACAAAGTCACTATTATAGACAACCTCT	7440
OY	7441	GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGGATTGGCTNAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	7500
Db	7441	GTTCCCCCATCATATCCACAAGCAAGTGAATTGGCTNAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	7500
OY	7501	CGGTGTCAATGCGGACTATGATGAAGTGAAGTGAAGCTTCAACGCGCTTAAGTGTGAAGTC	7560
Db	7501	CGGTGTCAATGCGGACTATGATGAAGTGAAGTGAAGCTTCAACGCGCTTAAGTGTGAAGTC	7560
OY	7561	CCACATCACTGGCCTTCGGGGGCACTGATGTTGGTTCTGAGACAGCGCCGCAAGGCTGTTCT	7620
Db	7561	CCACATCACTGGCCTTCGGGGGCACTGATGTTGGTTCTGAGACAGCGCCGCAAGGCTGTTCT	7620
OY	7621	GGACTTGCAGAAGTGTGTGAGGCGAGTGAAGTACGAGTCATTATCGGCAAACTGTGAT	7680
Db	7621	GGACTTGCAGAAGTGTGTGAGGCGAGTGAAGTACGAGTCATTATCGGCAAACTGTGAT	7680
OY	7681	AGTTCCAAAGAGAGAGGTCCTTCGTGAGAACCCCCCAAGAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
Db	7681	AGTTCCAAAGAGAGAGGTCCTTCGTGAGAACCCCCCAAGAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
OY	7741	GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAATGAGATGCTGAGAGATGCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC	7800
Db	7741	GCTATCTGTAACCCCACTTGAAATGAGATGCTGAGAGATGCTGAGAGATGCTGAGAGATGCTGAGAGAT	7800
OY	7801	TGCTCTCAAGCTAGTTAAAGCTGTCTATGAGAGATGCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC	7860
Db	7801	TGCTCTCAAGCTAGTTAAAGCTGTCTATGAGAGATGCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC	7860
OY	7861	CCGTGTCAAGCGTCTGTTGTGATGTGTCACCCGATCGAGTCGAGCCACATGCGATAC	7920
Db	7861	CCGTGTCAAGCGTCTGTTGTGATGTGTCACCCGATCGAGTCGAGCCACATGCGATAC	7920
OY	7921	AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACACCCGAGAGATTCATGAGTGGAGACAGACATCTATTC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACACCCGAGAGATTCATGAGTGGAGACAGACATCTATTC	7980
OY	7981	AGCAGCTAACTCAAGTGAACCAACCCGAGTGGCACTTACACCAATTCGAGGCAAGTTATA	8040
Db	7981	AGCAGCTAACTCAAGTGAACCAACCCGAGTGGCACTTACACCAATTCGAGGCAAGTTATA	8040
OY	8041	CGCTGAGAGACCGATGATCGCTTATGATGCGGAGAGATCGGATATCGTAGTGTAGTTC	8100
Db	8041	CGCTGAGAGACCGATGATCGCTTATGATGCGGAGAGATCGGATATCGTAGTGTAGTTC	8100
OY	8101	TTCCGCGCTTATATCTATCAAGTTCCAAAGTTTGAACCTGCTGGAGTGAAGTTAAAGTC	8160
Db	8101	TTCCGCGCTTATATCTATCAAGTTCCAAAGTTTGAACCTGCTGGAGTGAAGTTAAAGTC	8160
OY	8161	TGCAGCCGAACAGCTGGCAATGAGAACCTTCGCTTCTTATTTGGGCGAGTGAATTGAC	8220
Db	8161	TGCAGCCGAACAGCTGGCAATGAGAACCTTCGCTTCTTATTTGGGCGAGTGAATTGAC	8220
OY	8221	CGTAATTTGGAAGAGCGCCGAGCAGATGACAGACAAACAGCAATGCGTGTCTTTGCTAG	8280
Db	8221	CGTAATTTGGAAGAGCGCCGAGCAGATGACAGACAAACAGCAATGCGTGTCTTTGCTAG	8280
OY	8281	CTGATGTAAGGATGAGTGGTGCACCAAGATTGTGTGCTTCAACCCCAATACAGTTTGGAG	8340
Db	8281	CTGATGTAAGGATGAGTGGTGCACCAAGATTGTGTGCTTCAACCCCAATACAGTTTGGAG	8340
OY	8341	AGAAATTAACATATGCTCATCAAAATGTTTACCTCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCTTATA	8400
Db	8341	AGAAATTAACATATGCTCATCAAAATGTTTACCTCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCTTATA	8400
OY	8401	CTACTTTCTTACAGAGATCCTCGTATCCCTTGGCAGGTGTCTGCGAGAGGTCCTGGG	8460
Db	8401	CTACTTTCTTACAGAGATCCTCGTATCCCTTGGCAGGTGTCTGCGAGAGGTCCTGGG	8460

Db	8401	CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGTATCCCCCTTTGGAGGGGCTCTGCGAGGTTCTGGG	8460
Qy	8461	ATACACCCCAAGTCTCGTGGATTGGGTATCTAATATCATCATCACTACCAATGTTTGGGT	8520
Db	8461	ATACACCCCAAGTCTCGTGGATTGGGTATCTAATATCATCATCACTACCAATGTTTGGGT	8520
Qy	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTCAATGAGCAGATCTCTTTGAGGACAAACTTCCCGA	8580
Db	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTCAATGAGCAGATCTCTTTGAGGACAAACTTCCCGA	8580
Qy	8581	GACGGTACCTTTGACTGTATGAGGAAAAATTATACGGTCTGTATGAAGCTCGCCAG	8640
Db	8581	GACTGTACCTTTGACTGTATGAGGAAAAATTATACGGTCTGTATGAAGCTCGCCAG	8640
Qy	8641	CATCATTTGCTGTGTGACCGGTATTTAGAGGCTTTCTCGGTGTGTGCTACACCAACGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTGCTGTGTGACCGGTATTTAGAGGCTTTCTCGGTGTGTGCTACACCAACGCTGA	8700
Qy	8701	GATCCTCAGATTTCCCAATCATCAACAGATGACATATGCCCCCTGTGGAGGCTTGGG	8760
Db	8701	GATCCTCAGATTTCCCAATCATCAACAGATGACATATGCCCCCTGTGGAGGCTTGGG	8760
Qy	8761	AAAGAAAGCCAGGGGGGCTCTCGCCAGCGCCAAAGGCGTGGCGAGACACACGCAAAATT	8820
Db	8761	AAAGAAAGCCAGGGGGGCTCTCGCCAGCGCCAAAGGCGTGGCGAGACACACGCAAAATT	8820
Qy	8821	GGCTCGCTCTCTCTCGGATGCTACATCTAGACCTTACACAGATTTGGATTAAGACGAG	8880
Db	8821	GGCTCGCTCTCTCTCGGATGCTACATCTAGACCTTACACAGATTTGGATTAAGACGAG	8880
Qy	8881	CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTATGTGATGTTTACTCCCCGAGGGGATGTGTT	8940
Db	8881	CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTATGTGATGTTTACTCCCCGAGGGGATGTGTT	8940
Qy	8941	TATTAACCCACAGAGAGATTGCGAGATTTCTGTGAAGTATTTGGCTGTCATTGTTTT	9000
Db	8941	TGTTAACCCACAGAGAGATTGCGAGATTTCTGTGAAGTATTTGGCTGTCATTGTTTT	9000
Qy	9001	TGCCCTAGGGGCTCATTTGATTAGCCATCAGCTGAACCCCAAAATTCAAAATTAA	9060
Db	9001	TGCCCTAGGGGCTCATTTGATTAGCCATCAGCTGAACCCCAAAATTCAAAATTAA	9060
Qy	9061	CTAAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGGCAGCGGCAACAGGGGAGACCCCGGGC	9120
Db	9061	CTAAACAG--TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGGCAGCGGCAACAGGGGAGACCCCGGGC	9118
Qy	9121	TTTAACGACCCCGCGAGATGTGATTTGGCGACATGTGTGATCAGAACCGTTTGGGTGAA	9180
Db	9119	TTTAACGACCCCGCGAGATGTGATTTGGCGACATGTGTGATCAGAACCGTTTGGGTGAA	9178
Qy	9181	GCCATGTGCTGAAGGGGATGACGTCCCTTCTGTGCTCATCCAACAAAACCGTCTCGGGTGG	9240
Db	9179	GCCATGTGCTGAAGGGGATGACGTCCCTTCTGTGCTCATCCAACAAAACCGTCTCGGGTGG	9238
Qy	9241	GTGAGAGACTCTGTGCTGTGTGGAGAGCATGATATAATTCCTGCTGTGTGTGTGACGC	9300
Db	9239	GTGAGAGAGTCTGTGCTGTGTGGAGAGCATGATATAATTCCTGCTGTGTGTGTGACGC	9298
Qy	9301	CTCACGACGTATTTGTCCGCTGTGTGACAGAGGTATATCAACAGGGGTGACACCCGGTTTTTG	9360
Db	9299	CTCACGACGTATTTGTCCGCTGTGTGACAGAGGTATATCAACAGGGGTGACACCCGGTTTTTG	9358
Qy	9361	TTCCAAAGCGAGGGCAACCCCGCTGTGGATTAATAAACT	9399
Db	9359	TTCCAAAGCGAGGGCAACCCCGCTGTGGATTAATAAACT	9397
RESULT 5			
AAF23485			
ID	AAF23485 standard; DNA; 9139 BP.		
AC			
XX	AAF23485;		

RESULT 5	AAF23485	ID	AAF23485	standard; DNA; 9139 BP
XX				
AC	AAF23485;			
XX				

DT 11-SEP-2003 (revised)
DT 21-MAR-2001 (first entry)
XX GBV-B virus genome #2.
DE GBV-B virus genome #2.
XX GBV-B; hepatitis C virus; HCV; vaccine; ds.
XX Hepatitis GB virus B.
XX MO200075337-A1.
XX 14-DEC-2000.
XX 02-JUN-2000; 2000WO-US015293.
XX 04-JUN-1999; 99US-0137694P.
XX (USSH) US DEPT HEALTH & HUMAN SERVICES.
PA Buhk J, Yanagi M, Emerson SU, Purcell RH;
PI WPI; 2001-091214/10.
XX New infectious nucleic acids of the GB virus-B clone, useful for
PT indirectly studying the molecular properties of hepatitis C virus (HCV)
PT and in developing vaccines and therapeutics for HCV.
XX Example; Page 75-78; 96pp; English.
XX The present invention relates to GB virus-B. The nucleic acid molecules
CC of the invention are useful for indirectly studying the molecular
CC properties of hepatitis C virus (HCV). The infectious nucleic acid
CC sequence of the GB virus-B clone and the HCV/GBV-B chimeras may be used
CC in the development of vaccines and therapeutics for HCV. (Updated on 11-
CC SEP-2003 to standardise OS field)
XX Sequence 9139 BP; 2073 A; 2261 C; 2349 G; 2456 T; 0 U; 0 other;
SQ
Query Match 97.0%; Score 9118.6; DB 4; Length 9139;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
Matches 9124; Conservative 0; Mismatches 9; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ACCAACAACCTCACTGTTGTTACACTCCGCTAGAAAGCTCTGAGACACCCCTAG 60
DB 1 ACCAACAACCTCACTGTTGTTACACTCCGCTAGAAAGCTCTGAGACACCCCTAG 60
QY 61 CAGGCGGTGGGGAATTTCCCTCCCTCTCTCAGAAAGGTGAGCCAAACCTTAGAT 120
DB 61 CAGGCGGTGGGGAATTTCCCTCCCTCTCTCAGAAAGGTGAGCCAAACCTTAGAT 120
QY 121 GTAGCGCGCGGAGCTCATGAGCTCGGTGATGACAAAGCGCAAGCTTAGATGAGC 180
DB 121 GTAGCGCGCGGAGCTCATGAGCTCGGTGATGACAAAGCGCAAGCTTAGATGAGC 180
QY 181 CCTGATGGGCGCTTATGAGGTTCGATGATGATGAGCGCTTTAGGCAAGCTTCAAGCCCA 240
DB 181 CCTGATGGGCGCTTATGAGGTTCGATGATGATGAGCGCTTTAGGCAAGCTTCAAGCCCA 240
QY 241 CCTCCAGATGAGCGCGGCACTGTGAGGAAAGCGGCGGCAAGCTTCAAGGAGCG 300
DB 241 CCTCCAGATGAGCGCGGCACTGTGAGGAAAGCGGCGGCAAGCTTCAAGGAGCG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGTACAGCGCTCGGAAAGTATGGGCAAGCCCACTTATATGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGTAGTACAGCGCTCGGAAAGTATGGGCAAGCCCACTTATATGT 360
QY 361 TGGAGTGGTGGGTTTACCATCAATCACTGATGAGGATCTTGGAGGAGAT 420
DB 361 TGGAGTGGTGGGTTTACCATCAATCACTGATGAGGATCTTGGAGGAGAT 420
QY 421 CTGGAGTCTGTGAGACCGTGAACATGCTGTTATTTCTAATCAACCAAGCTCTGATCC 480
DB 421 CTGGAGTCTGTGAGACCGTGAACATGCTGTTATTTCTAATCAACCAAGCTCTGATCC 480

QY 481 TGGCCCCAGAACCGCGAAGAACAGACAGCGAGCTTCAATATCTGTGTCATTAAAC 540
DB 481 TGGCCCCAGAACCGCGAAGAACAGACAGCGAGCTTCAATATCTGTGTCATTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTGAAAGGGGACAAACGACCAAGCGCAAGTCCAGGCGCATGTGCGCTCGTAA 600
DB 541 ATCTGTTGAAAGGGGACAAACGACCAAGCGCAAGTCCAGGCGCATGTGCGCTCGTAA 600
QY 601 TTACAAAATTGCTGTATTCATGATGAGCTTGACAGACATTTGGCTCAGGCTGTTGCCAGC 660
DB 601 TTACAAAATTGCTGTATTCATGATGAGCTTGACAGACATTTGGCTCAGGCTGTTGCCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGACGCCAAGACCTCGCATTAAGTCTCGCAATCTTGGAAATCTTTGCGA 720
DB 661 TCATGTTGGGAGACGCCAAGACCTCGCATTAAGTCTCGCAATCTTGGAAATCTTTGCGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGGTGTATTTGTATGTTTAACTCAACACCTTACTAGGCGGCTGTGT 780
DB 721 TTACCTTTGGGGTGTATTTGTATGTTTAACTCAACACCTTACTAGGCGGCTGTGT 780
QY 781 GGCAGAGCGGTGCTGACAGCTGCGCAGATGATGACGCTTGTGGAGATGAGTCA 840
DB 781 GGCAGAGCGGTGCTGACAGCTGCGCAGATGATGACGCTTGTGGAGATGAGTCA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTGTTGTTGCTGCTCACTTTTGTGATGATGCTGATCTTTGCGCTG 900
DB 841 CTGGGCTACTGTGTTGTTGCTGCTCACTTTTGTGATGATGCTGATCTTTGCGCTG 900
QY 901 TCCCTGTATGTTGGGCGCGGCTCACTGACCAAGACAAATACCAATCTGACCAATTG 960
DB 901 TCCCTGTATGTTGGGCGCGGCTCACTGACCAAGACAAATACCAATCTGACCAATTG 960
QY 961 CTGCGACGATATCAGGTATATGTTATGTTCTCTTCACTTGTCTTACAGAGCTTG 1020
DB 961 CTGCGACGATATCAGGTATATGTTATGTTCTCTTCACTTGTCTTACAGAGCTTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTCGAGACAGTGTGCTGCTGCTCCGCAATCCGTAATCTCACACCTTCCA 1080
DB 1021 TGTGATCTGTCGAGACAGTGTGCTGCTCCGCAATCCGTAATCTCACACCTTCCA 1080
QY 1081 TTGAGCTGCGACGAGTCTCTTCTTGGCTGACACATTTGTTATGAGGCGCTTGT 1140
DB 1081 TTGAGCTGCGACGAGTCTCTTCTTGGCTGACACATTTGTTATGAGGCGCTTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGAGCGCTTGAATGAGTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1200
DB 1141 GACCTGTGAGCGCTTGAATGAGTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1200
QY 1201 GCTTGTGAGGCACTGCTTATTTACATAGACCTCAATGAACTGTGTTACTGGA 1260
DB 1201 GCTTGTGAGGCACTGCTTATTTACATAGACCTCAATGAACTGTGTTACTGGA 1260
QY 1261 AGTGCACCTGAAATAGATCTGAGGTTCTTAAGGTTTATCGGAGTATGCGGCAAGGT 1320
DB 1261 AGTGCACCTGAAATAGATCTGAGGTTCTTAAGGTTTATCGGAGTATGCGGCAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAAACGCTTCAAGTACCAAGCTATTTGGAGCTAT 1380
DB 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAAACGCTTCAAGTACCAAGCTATTTGGAGCTAT 1380
QY 1381 GTTGAAGATGATACATCACTGAGGTTGAGGCTGTATGATGATGATGATGATGATG 1440
DB 1381 GTTGAAGATGATACATCACTGAGGTTGAGGCTGTATGATGATGATGATGATGATG 1440
QY 1441 GTGGTATCAGTGTCTTACGCTTATGCTTTATGAAAGCGACTTGTGAAACCTTAT 1500
DB 1441 GTGGTATCAGTGTCTTACGCTTATGCTTTATGAAAGCGACTTGTGAAACCTTAT 1500
QY 1501 CAGGAGTCCACCTGAGATGCTCAATAGCTGATTTGCTGCTTGTGATGATGATGATG 1560
DB 1501 CAGGAGTCCACCTGAGATGCTCAATAGCTGATTTGCTGCTTGTGATGATGATGATG 1560

QY 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAATGTGCAGAACTCATTTGTTACAGTCCAAAGTGAC 1620
| | | | |
Db 1561 TTGCACCTCTTATTTGAGTGAATGTGCAGAACTCATTTGTTACAGTCCAAAGTGAC 1620
| | | | |
QY 1621 CAGGCTTACCTCTAGAGTATTAACAACCTCATCTTGGTACCCCTTATACATCCCTGG 1680
| | | | |
Db 1621 CAGGCTTACCTCTAGAGTATTAACAACCTCATCTTGGTACCCCTTATACATCCCTGG 1680
| | | | |
QY 1681 TCGCAGGGAGTGTATGTTAAATTCAAAAATTAACATAGGGTTCCTCCGTATTCGCA 1740
| | | | |
Db 1681 TCGCAGGGAGTGTATGTTAAATTCAAAAATTAACATAGGGTTCCTCCGTATTCGCA 1740
| | | | |
QY 1741 TGTGCATCTGTAAGTCACTATGAGGACATGATGCGATGCGAACGACATCGGACACTTA 1800
| | | | |
Db 1741 TGTGCATCTGTAAGTCACTATGAGGACATGATGCGATGCGAACGACATCGGACACTTA 1800
| | | | |
QY 1801 CGAATATGCGGCTGTAACCACTAGGCTAACACCGGACAGGACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
| | | | |
Db 1801 CGAATATGCGGCTGTAACCACTAGGCTAACACCGGACAGGACAGGCTCAGCCCTGAA 1860
| | | | |
QY 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTTGGTCTTAAGAAATGTTTAACTCATATTTGATGTC 1920
| | | | |
Db 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTTGGTCTTAAGAAATGTTTAACTCATATTTGATGTC 1920
| | | | |
QY 1921 AGGCAATTTGATATTTTGAAGGATCAAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCTCTGTA 1980
| | | | |
Db 1921 AGGCAATTTGATATTTTGAAGGATCAAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCTCTGTA 1980
| | | | |
QY 1981 TTGCACTCTCTACACCGGAGAGGCTGATGTTGCGGCTACCCGCTGATGCTGATGCTG 2040
| | | | |
Db 1981 TTGCACTCTCTACACCGGAGAGGCTGATGTTGCGGCTACCCGCTGATGCTGATGCTG 2040
| | | | |
QY 2041 TGGTCTTGTATACAGTTCGCAAGGTTTATACAGTATGTAAGAAAGACTTACGCAAG 2100
| | | | |
Db 2041 TGGTCTTGTATACAGTTCGCAAGGTTTATACAGTATGTAAGAAAGACTTACGCAAG 2100
| | | | |
QY 2101 ATTGATCACAAAGCAAAAGCTGGAATAATATCAAGTCTTATATTCGCGACAGGCTGC 2160
| | | | |
Db 2101 ATTGATCACAAAGCAAAAGCTGGAATAATATCAAGTCTTATATTCGCGACAGGCTGC 2160
| | | | |
QY 2161 TTTGCTCTTAAAGGAGTTACCAAGGCGGTGATGTTCTGTTGGGTTGTTGG 2220
| | | | |
Db 2161 TTTGCTCTTAAAGGAGTTACCAAGGCGGTGATGTTCTGTTGGGTTGTTGG 2220
| | | | |
QY 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACCTCTGTAATGTTCCCTTGTGTTTGGGCGCTTC 2280
| | | | |
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACCTCTGTAATGTTCCCTTGTGTTTGGGCGCTTC 2280
| | | | |
QY 2281 TGGTATACCTTTGCGTCTGTCCTCCATCCAGTCTGATCTCAAGCTGGCTGGAGATGT 2340
| | | | |
Db 2281 TGGTATACCTTTGCGTCTGTCCTCCATCCAGTCTGATCTCAAGCTGGCTGGAGATGT 2340
| | | | |
QY 2341 TTTGCTCTTAAAGTCAAGTACCTTTGCTTGTGATTTTCTCACTGTTGCTATCTCG 2400
| | | | |
Db 2341 TTTGCTCTTAAAGTCAAGTACCTTTGCTTGTGATTTTCTCACTGTTGCTATCTCG 2400
| | | | |
QY 2401 CTGCAAGCTACCTTATGCTGCCCTTATAGGGTTTGTGCCATGCTGGGCGCTGCCCT 2460
| | | | |
Db 2401 CTGCAAGCTACCTTATGCTGCCCTTATAGGGTTTGTGCCATGCTGGGCGCTGCCCT 2460
| | | | |
QY 2461 AACTTTCTTTTGTGAGCAGCTGCTGCCCAACAATTAATGACTGTGGTGCAGCTGCT 2520
| | | | |
Db 2461 AACTTTCTTTTGTGAGCAGCTGCTGCCCAACAATTAATGACTGTGGTGCAGCTGCT 2520
| | | | |
QY 2521 AGTGCAGGCTTATGTTTGTGGGCGGCGCTTAACGCTGCTACCGGATAGCTCTCTGTT 2580
| | | | |
Db 2521 AGTGCAGGCTTATGTTTGTGGGCGGCGCTTAACGCTGCTACCGGATAGCTCTCTGTT 2580
| | | | |
QY 2581 AGGTCTTGGCTCTGTAAGGCTTTTAACTCTTTGATTTGGTTAGCGCTTCAAGC 2640
| | | | |
Db 2581 AGGTCTTGGCTCTGTAAGGCTTTTAACTCTTTGATTTGGTTAGCGCTTCAAGC 2640
| | | | |
QY 2641 TTTTGAATACGAGATTAATTGAGGCGCTGAATACCACTGTATGATGATTTGTCTAT 2700
| | | | |

Db 2641 TTTTGAATACGAGATTAATTGAGGCGCTGAATACCACTGTATGATGATTTGTCTAT 2700
| | | | |
QY 2701 GTCTGTGTTTGGCTTCTTGTGCTCACTTGTATCTGCTGCTGCTTATGTTAACTCTATCT 2760
| | | | |
Db 2701 GTCTGTGTTTGGCTTCTTGTGCTCACTTGTATCTGCTGCTGCTTATGTTAACTCTATCT 2760
| | | | |
QY 2761 TTGCAACGTTGGAGAAATGTTTGTGAAACGTTACATTAAGACCGGAGGTTTTCCT 2820
| | | | |
Db 2761 TTGCAACGTTGGAGAAATGTTTGTGAAAGTTTACATTAAGACCGGAGGTTTTCCT 2820
| | | | |
QY 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGCTGAGCAATAGAGCGCTGAGCTTCTGCTGCTGCA 2880
| | | | |
Db 2821 TGTGCTGTTTGTGTTTCCCGGCTGAGCAATAGAGCGCTGAGCTTCTGCTGCTGCA 2880
| | | | |
QY 2881 CGTATCTTCTATGTTTAAATCATCATGACAGATCTGTTCTTGTGGAATGATCTAGAGGT 2940
| | | | |
Db 2881 CGTATCTTCTATGTTTAAATCATCATGACAGATCTGTTCTTGTGGAATGATCTAGAGGT 2940
| | | | |
QY 2941 TAGGCGCCATAGAAATGTTGCTGCTCTGGAAGTGTATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
| | | | |
Db 2941 TAGGCGCCATAGAAATGTTGCTGCTCTGGAAGTGTATGCTTGTATTTCTATATGT 3000
| | | | |
QY 3001 TCTTAAAGTTTTCCTCTTATGTTTGTGGAATGTTGTTTCTTAAAGACTTGTCA 3060
| | | | |
Db 3001 TCTTAAAGTTTTCCTCTTATGTTTGTGGAATGTTGTTTCTTAAAGACTTGTCA 3060
| | | | |
QY 3061 TGTGATGTCCTTGTGCTTATGATTTTGTGCTCGAAATGATGCTTGTATTTCTATATGT 3120
| | | | |
Db 3061 TGTGATGTCCTTGTGCTTATGATTTTGTGCTCGAAATGATGCTTGTATTTCTATATGT 3120
| | | | |
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTTATAGAAATGAAAGAAAGACGCTTGGCTGTGGGACAC 3180
| | | | |
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTTATAGAAATGAAAGAAAGACGCTTGGCTGTGGGACAC 3180
| | | | |
QY 3181 GGTGATGTTTGTGCTGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3240
| | | | |
Db 3181 GGTGATGTTTGTGCTGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3240
| | | | |
QY 3241 GCCGCCAGATGGGTGGGCTATTAACGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGCTGG 3300
| | | | |
Db 3241 GCCGCCAGATGGGTGGGCTATTAACGCACTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGCTGG 3300
| | | | |
QY 3301 CACGCTGTACAGATGCGATGCTGATGATCTGTTATGAAACCCCGCACTTGGACCTGAAAC 3360
| | | | |
Db 3301 CACGCTGTACAGATGCGATGCTGATGATCTGTTATGAAACCCCGCACTTGGACCTGAAAC 3360
| | | | |
QY 3361 TATGCTCAAGTATTAAGATCTCTGCGCACTAGCTAACATGGAATTTGTTGCAACGCTGT 3420
| | | | |
Db 3361 TATGCTCAAGTATTAAGATCTCTGCGCACTAGCTAACATGGAATTTGTTGCAACGCTGT 3420
| | | | |
QY 3421 GTATATGCTCAAGATGCTGCGCACTAGCTAACATGGAATTTGTTGCAACGCTGT 3480
| | | | |
Db 3421 GTATATGCTCAAGATGCTGCGCACTAGCTAACATGGAATTTGTTGCAACGCTGT 3480
| | | | |
QY 3481 CCAATTAACGCTGTGACGCGCTTATGACAGACATCTATCAACCAATGAGAGCTGG 3540
| | | | |
Db 3481 CCAATTAACGCTGTGACGCGCTTATGACAGACATCTATCAACCAATGAGAGCTGG 3540
| | | | |
QY 3541 GTCCCTTAATGAGGCTCTTGTGCGGAGAGCAAGGAGGATCTGATTAACAGCTGGGCTC 3600
| | | | |
Db 3541 GTCCCTTAATGAGGCTCTTGTGCGGAGAGCAAGGAGGATCTGATTAACAGCTGGGCTC 3600
| | | | |
QY 3601 ATTGCTTGAAGTCAACAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTGCGGGGCCCTTCCAT 3660
| | | | |
Db 3601 ATTGCTTGAAGTCAACAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTGCGGGGCCCTTCCAT 3660
| | | | |
QY 3661 GGTGTTTCCAAAGGTTCTTCAAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3720
| | | | |
Db 3661 GGTGTTTCCAAAGGTTCTTCAAGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3720
| | | | |
QY 3721 GATGTTCAACGCTGTGAAATTTCTGAGGCTTCAAGTCAAGATTTAGGCTGCTGCTGCT 3780
| | | | |

3721 GATGTTACCGCTGCTAAGAAATCTGGCGGTTCACTCACTAGCATTAAGGCTTAGCCCTT 3780
3781 GGTGTGCTGTGATACCATCCCGAGTACACAGACATGCACTCTTGTATACAAAACCTAC 3840
3781 GGTGTGCTGTGATACCATCCCGAGTACACAGACATGCACTCTTGTATACAAAACCTAC 3840
3841 TGTGCTTACAGATTTTACAGTCAAAATTTTAAATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
3841 TGTGCTTACAGATTTTACAGTCAAAATTTTAAATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
3901 CAAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGATGAGGCTTTGGTCCCTAAATCCCAAGT 3960
3901 CAAATTTACCACTTTCTTACATGACAGAGATGAGGCTTTGGTCCCTAAATCCCAAGT 3960
3961 GGTCTACACAGCATCAATGATGCAAGTACATGACGCGCATGACGCGGATTCACAAATG 4020
3961 GGTCTACACAGCATCAATGATGCAAGTACATGACGCGCATGACGCGGATTCACAAATG 4020
4021 CTATTTTATGGAATTTATGACCAACAGGCGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
4021 CTATTTTATGGAATTTATGACCAACAGGCGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGAACTATGATGATATCATTTGTGACGAATGCAATGC 4140
4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGAACTATGATGATATCATTTGTGACGAATGCAATGC 4140
4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGCATTTGAAAGGCTCTTACCCAGAGCTCCATCCAAATA 4200
4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGCATTTGAAAGGCTCTTACCCAGAGCTCCATCCAAATA 4200
4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGCATTTGAAAGGCTCTTACCCAGAGCTCCATCCAAATA 4200
4201 TGTATGCTAGTGTGTTCTTGGCAGCGCTACCCCTCGAGATATCCCTACACACATGC 4260
4201 TGTATGCTAGTGTGTTCTTGGCAGCGCTACCCCTCGAGATATCCCTACACACATGC 4260
4261 CAATATACCTGATGATTAATACCGATGAGGACATATCCCTTATGAGAAATGAT 4320
4261 CAATATACCTGATGATTAATACCGATGAGGACATATCCCTTATGAGAAATGAT 4320
4261 CAATATACCTGATGATTAATACCGATGAGGACATATCCCTTATGAGAAATGAT 4320
4321 TAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACATTTATCTTGAAGCTACCAAAAACACTG 4380
4321 TAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACATTTATCTTGAAGCTACCAAAAACACTG 4380
4321 TAAGGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACATTTATCTTGAAGCTACCAAAAACACTG 4380
4381 TGATGAGCTTCTTACGAGTATGCTCGAAAGGAAATTAACAGCTCTCTTACTATAGGGG 4440
4381 TGATGAGCTTCTTACGAGTATGCTCGAAAGGAAATTAACAGCTCTCTTACTATAGGGG 4440
4441 ATGAGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGTATGATGTTGCCATGATGCTTGTG 4500
4441 ATGAGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGTATGATGTTGCCATGATGCTTGTG 4500
4501 TACAGGGTACACTGGTGAATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
4501 TACAGGGTACACTGGTGAATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
4501 TACAGGGTACACTGGTGAATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTACTTCAACATGAGGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG 4620
4561 ATGCAATGTTGACCTTGAACCTTACTTCAACATGAGGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTG 4620
4621 AATGATTTAAAGCCAGAGTGAAGGGCCGACAGGCGGTGGAGAGCTGACATATATCTACTA 4680
4621 AATGATTTAAAGCCAGAGTGAAGGGCCGACAGGCGGTGGAGAGCTGACATATATCTACTA 4680
4681 TGTAGAGGGAGTGTACCTTGGGATGATGTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4740
4681 TGTAGAGGGAGTGTACCTTGGGATGATGTTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4740
4741 CGACGACCCAGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
4741 CGACGACCCAGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
4741 CGACGACCCAGAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800
4801 CTATGCAACCCAGACCTGGGTTACTGCGATGAGCAAAATTTGACGATGGGCTGATCT 4860
4801 CTATGCAACCCAGACCTGGGTTACTGCGATGAGCAAAATTTGACGATGGGCTGATCT 4860

4861 CTTTCTATGCTCAACCCCGAACTTCTGATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
4861 CTTTCTATGCTCAACCCCGAACTTCTGATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
4921 TTATGTTTGTGATCTGACGCGCACTTCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
4921 TTATGTTTGTGATCTGACGCGCACTTCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
4921 TTATGTTTGTGATCTGACGCGCACTTCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4980
4981 CAATGACGACACAGGTTGAGGAGGAGCGCGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
4981 CAATGACGACACAGGTTGAGGAGGAGCGCGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
4981 CAATGACGACACAGGTTGAGGAGGAGCGCGCTTGGGAAAAAACCCTTGGGGTTCTGTG 5040
5041 GCGCTTGAAGCGCGCTGACGCTGTCTGTGCGGACAGAGCCGAGAGGATGACAGATACCA 5100
5041 GCGCTTGAAGCGCGCTGACGCTGTCTGTGCGGACAGAGCCGAGAGGATGACAGATACCA 5100
5041 GCGCTTGAAGCGCGCTGACGCTGTCTGTGCGGACAGAGCCGAGAGGATGACAGATACCA 5100
5101 AATGCTTCACTGAAATCAATATCTTGTGGAACGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
5101 AATGCTTCACTGAAATCAATATCTTGTGGAACGCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
5161 GGTATGAGCTTATGATGACCACTTGTGAGGCGCACTTGTGCGGCGCTGTGCTGTG 5220
5161 GGTATGAGCTTATGATGACCACTTGTGAGGCGCACTTGTGCGGCGCTGTGCTGTG 5220
5221 TATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5280
5221 TATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5280
5281 GAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5340
5281 GAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5340
5341 GAGTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5400
5341 GAGTACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5400
5401 CTTTCTTGGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
5401 CTTTCTTGGGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5460
5461 CACTTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
5461 CACTTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
5461 CACTTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5520
5521 CCACTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
5521 CCACTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
5521 CCACTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5580
5581 GCTTACAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
5581 GCTTACAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
5581 GCTTACAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5640
5641 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
5641 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
5641 TGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5700
5701 ATGCACTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
5701 ATGCACTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
5701 ATGCACTGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5760
5761 TGTGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
5761 TGTGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
5761 TGTGTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5820
5821 TGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
5821 TGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
5821 TGTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5880
5881 TATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940
5881 TATGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5940

5941 CAGGAAGATCTGGGCAATCTGAGGCACTAACCCCTGAGTGTCAATACGTTGCAT 6000
| | | | |
Db | | | | |
5941 CAGGAAGATCTGGGCAATCTGAGGCACTAACCCCTGAGTGTCAATACGTTGCAT 6000
| | | | |
Qy | | | | |
6001 CCGTGGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATGGGCGCTCATTTGCTGGGGCTAGAGAT 6060
| | | | |
Db | | | | |
6001 CCGTGGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATGGGCGCTCATTTGCTGGGGCTAGAGAT 6060
| | | | |
Qy | | | | |
6061 TTGGCAGTATGTGCATATTTCTTTGTGTATTTGCTTTAATGTCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
| | | | |
Db | | | | |
6061 TTGGCAGTATGTGCATATTTCTTTGTGTATTTGCTTTAATGTCTTTAAAGCTGAGTTCA 6120
| | | | |
Qy | | | | |
6121 GAGCATGTTAAACATTTCTGTTGTCTTTCTTACAGCTGCGAGAGGGGTACAGGGCCC 6180
| | | | |
Db | | | | |
6121 GAGCATGTTAAACATTTCTGTTGTCTTTCTTACAGCTGCGAGAGGGGTACAGGGCCC 6180
| | | | |
Qy | | | | |
6181 CTGGATGGATGAGTATGCTCCAGACACGCTGCTCAATGCGGTGCTGAATCTATCTTTTC 6240
| | | | |
Db | | | | |
6181 CTGGATGGATGAGTATGCTCCAGACACGCTGCTCAATGCGGTGCTGAATCTATCTTTTC 6240
| | | | |
Qy | | | | |
6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAACCCAGAACCTTGTTCAAATTAATGAG 6300
| | | | |
Db | | | | |
6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAACCCAGAACCTTGTTCAAATTAATGAG 6300
| | | | |
Qy | | | | |
6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCCCACTGATTG 6360
| | | | |
Db | | | | |
6301 AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCCCACTGATTG 6360
| | | | |
Qy | | | | |
6361 GACTGATCTGTGCTCAATTAATGAGGCTTAACTGTAATTAATGAGAAATGGAGGA 6420
| | | | |
Db | | | | |
6361 GACTGATCTGTGCTCAATTAATGAGGCTTAACTGTAATTAATGAGAAATGGAGGA 6420
| | | | |
Qy | | | | |
6421 TCACATTTTGTGTAAGCAGTATCTCTCCAAATGTCTTTACCCAGAGTCCCCAAC 6480
| | | | |
Db | | | | |
6421 TCACATTTTGTGTAAGCAGTATCTCTCCAAATGTCTTTACCCAGAGTCCCCAAC 6480
| | | | |
Qy | | | | |
6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCCGTGAGACGGCGTACAGTTCACTGTATCTTAGTGAAGCCAA 6540
| | | | |
Db | | | | |
6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCCGTGAGACGGCGTACAGTTCACTGTATCTTAGTGAAGCCAA 6540
| | | | |
Qy | | | | |
6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCCGTGAGACGGCGTACAGTTCACTGTATCTTAGTGAAGCCAA 6540
| | | | |
Db | | | | |
6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCCGTGAGACGGCGTACAGTTCACTGTATCTTAGTGAAGCCAA 6540
| | | | |
Qy | | | | |
6541 AACTCTTGGAGAGATGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCT 6600
| | | | |
Db | | | | |
6541 AACTCTTGGAGAGATGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCT 6600
| | | | |
Qy | | | | |
6601 GCTTCCTCTTCCGCTGAGAGTGCACACCTGTGTGTGCTGCACTTAATTTTGTGTA 6660
| | | | |
Db | | | | |
6601 GCTTCCTCTTCCGCTGAGAGTGCACACCTGTGTGTGCTGCACTTAATTTTGTGTA 6660
| | | | |
Qy | | | | |
6661 TGCACCTTGAGACAAATGACTGTATTTCCAAACAACTCTTGTGATGAAGCCGCACT 6720
| | | | |
Db | | | | |
6661 TGCACCTTGAGACAAATGACTGTATTTCCAAACAACTCTTGTGATGAAGCCGCACT 6720
| | | | |
Qy | | | | |
6721 GTCCTCTCTGTTTTCAAACAGAGTGGGGGTCAACCAATGCTTGAAGCAATTTTC 6780
| | | | |
Db | | | | |
6721 GTCCTCTCTGTTTTCAAACAGAGTGGGGGTCAACCAATGCTTGAAGCAATTTTC 6780
| | | | |
Qy | | | | |
6781 AGCTGGCGTTGACACCACTGCAAGCCCTCTCATCGAAGAGTATGTAAGAA 6840
| | | | |
Db | | | | |
6781 AGCTGGCGTTGACACCACTGCAAGCCCTCTCATCGAAGAGTATGTAAGAA 6840
| | | | |
Qy | | | | |
6841 GCGCCAGTTCCGGGCAAGAGTGGTTCCTTACCTTTCCTCCGAGATCCGTCCC 6900
| | | | |
Db | | | | |
6841 GCGCCAGTTCCGGGCAAGAGTGGTTCCTTACCTTTCCTCCGAGATCCGTCCC 6900
| | | | |
Qy | | | | |
6901 AGGAGTGTATGCTGCAAGAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGCTTCAAACT 6960
| | | | |
Db | | | | |
6901 AGGAGTGTATGCTGCAAGAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGCTTCAAACT 6960
| | | | |
Qy | | | | |
6961 CCTCTCTTACCAACCTGTTCTACAGTTGGCATGCGATGCCCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
| | | | |
Db | | | | |
6961 CCTCTCTTACCAACCTGTTCTACAGTTGGCATGCGATGCCCTGTTGGAGCGGGTGA 7020
| | | | |
Qy | | | | |
7021 GTGTAACTTTTCACTGCAATTGATGTCAATGACCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGA 7080
| | | | |

7021 GTGTAACTTTTCACTGCAATTGATGTCAATGACCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGA 7080
| | | | |
Db | | | | |
7081 TTTAACCACTTACCTCCCAAAAAGAGAGTCTGTAAATGTGTGACAGAAAGTTGTGTGAC 7140
| | | | |
Qy | | | | |
7081 TTTAACCACTTACCTCCCAAAAAGAGAGTCTGTAAATGTGTGACAGAAAGTTGTGTGAC 7140
| | | | |
Db | | | | |
7141 GAGTCAACCGTTTCCAGCTACGTTTACGTCGCCCTGTAACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
| | | | |
Qy | | | | |
7141 GAGTCAACCGTTTCCAGCTACGTTTACGTCGCCCTGTAACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
| | | | |
Db | | | | |
7201 TTTCACTGATGAGTCCCGGCAACCGGCTTACAAAAGAGTGGAGAGAGTGA 7260
| | | | |
Qy | | | | |
7201 TTTCACTGATGAGTCCCGGCAACCGGCTTACAAAAGAGTGGAGAGAGTGA 7260
| | | | |
Db | | | | |
7261 TTTGCTGAGCATGAGCTACCTGTGACCGAGTGTATGCTTCAAACTGCTTTAAAGT 7320
| | | | |
Qy | | | | |
7261 TTTGCTGAGCATGAGCTACCTGTGACCGAGTGTATGCTTCAAACTGCTTTAAAGT 7320
| | | | |
Db | | | | |
7321 TCTGTCTGCAACTCGGGCCATCACTAGTGTCTTCAACCAAGATCATTTGTGTATGT 7380
| | | | |
Qy | | | | |
7321 TCTGTCTGCAACTCGGGCCATCACTAGTGTCTTCAACCAAGATCATTTGTGTATGT 7380
| | | | |
Db | | | | |
7381 GACTGAGCGGGGAGTGGGAGCTTGAAGAAACAAAAGTCACTAATTAATGACACCTCT 7440
| | | | |
Qy | | | | |
7381 GACTGAGCGGGGAGTGGGAGCTTGAAGAAACAAAAGTCACTAATTAATGACACCTCT 7440
| | | | |
Db | | | | |
7441 GTTCCCTCCATCATPACCAAGCAAGTGAATTTGGCTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
| | | | |
Qy | | | | |
7441 GTTCCCTCCATCATPACCAAGCAAGTGAATTTGGCTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
| | | | |
Db | | | | |
7501 CGGTCTCATGTGGAGCTATGATGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 7560
| | | | |
Qy | | | | |
7501 CGGTCTCATGTGGAGCTATGATGAGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 7560
| | | | |
Db | | | | |
7561 CCAATCACTGGCCCTTGGGGGCACTGATGTTCTGTGAGAGAGCGGCAAGAGCTGTTCT 7620
| | | | |
Qy | | | | |
7561 CCAATCACTGGCCCTTGGGGGCACTGATGTTCTGTGAGAGAGCGGCAAGAGCTGTTCT 7620
| | | | |
Db | | | | |
7621 GGAATTCGAGAGAGTGTGTGAGGAGGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 7680
| | | | |
Qy | | | | |
7621 GGAATTCGAGAGAGTGTGTGAGGAGGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGA 7680
| | | | |
Db | | | | |
7681 AGTTCCAAAGAGAGT 7740
| | | | |
Qy | | | | |
7681 AGTTCCAAAGAGAGT 7740
| | | | |
Db | | | | |
7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAGATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 7800
| | | | |
Qy | | | | |
7741 GCTTATCTGTAACCCCACTTGAAGATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 7800
| | | | |
Db | | | | |
7801 TGTCTCTGACGTATGTAAGGCTGTATGAGAGATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 7860
| | | | |
Qy | | | | |
7801 TGTCTCTGACGTATGTAAGGCTGTATGAGAGATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 7860
| | | | |
Db | | | | |
7861 CCGTGTCAAGCGTCTGT 7920
| | | | |
Qy | | | | |
7861 CCGTGTCAAGCGTCTGT 7920
| | | | |
Db | | | | |
7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACACCGAGAGTATCATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 7980
| | | | |
Qy | | | | |
7921 AGTGTGTTTGAACAGTACATCAACACCGAGAGTATCATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 7980
| | | | |
Db | | | | |
7981 AGCAGCTAACTCACTGACCAACACCGAGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8040
| | | | |
Qy | | | | |
7981 AGCAGCTAACTCACTGACCAACACCGAGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8040
| | | | |
Db | | | | |
8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCGTATGTGTGTGTGT 8100
| | | | |
Qy | | | | |
8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCGTATGTGTGTGTGT 8100
| | | | |
Db | | | | |
8101 TTTCCGCGCTATATCTTCACTGCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGTGCTGAAGTAAATGC 8160
| | | | |

```

Db 8101 TTCCGGCGCTAATCTACTACCAAGTTCCAAAGTTGACCTGCTGGAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAACAGCGTGGCATGAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGATGATGCAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGAACAGCGTGGCATGAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGATGATGCAC 8220
Qy 8221 CGTAATTTGGAGAGCGCCGGAGCAGATGACAGAACAAAGCAATGCGTCTTTTGG 8280
Db 8221 CGTAATTTGGAGAGCGCCGGAGCAGATGACAGAACAAAGCAATGCGTCTTTGCTAG 8280
Qy 8281 CTGATGAGAGTGGTGGTGCACCAAGATTTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Db 8281 CTGATGAGAGTGGTGGTGCACCAAGATTTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATCATCTCATCAATATGTTACTCTGGAATTAACAAATGGCAAGCTTA 8400
Db 8341 AGAATTAACATCATCTCATCAATATGTTACTCTGGAATTAACAAATGGCAAGCTTA 8400
Qy 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCCTCGTATCCCTTGGCAGTGTCTGCGAGGGTCTGGG 8460
Db 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCCTCGTATCCCTTGGCAGTGTCTGCGAGGGTCTGGG 8460
Qy 8461 ATACGACCCCGAGTGTGGTGGATGGGATCTAATACATCACTAATGTTTGTGGT 8520
Db 8461 ATACGACCCCGAGTGTGGTGGATGGGATCTAATACATCACTAATGTTTGTGGT 8520
Qy 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTTCATGAGAGATGCTTTTGGAGCAAACTTCCCG 8580
Db 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTTCATGAGAGATGCTTTTGGAGCAAACTTCCCG 8580
Qy 8581 GACGGTGAACCTTTGACCTGTATGGGAAAAATTAACGGTGTCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Db 8581 GACGGTGAACCTTTGACCTGTATGGGAAAAATTAACGGTGTCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATTTGCTGTGTGCACCGATTTAGAGCTTTCTCGGTGTGGCTTACACCAAGCTGA 8700
Db 8641 CATCATTTGCTGTGTGCACCGATTTAGAGCTTTCTCGGTGTGGCTTACACCAAGCTGA 8700
Qy 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCATCACTAAGACATGACATGACATGCCCCCTGCGAGCTGGCG 8760
Db 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCATCACTAAGACATGACATGACATGCCCCCTGCGAGCTGGCG 8760
Qy 8761 AAAAGAAAGCCAGGGGGGCTCTGCGCAGCGCCAAAGAGGGGTGGCGAGCAGCAACG 8820
Db 8761 AAAAGAAAGCCAGGGGGGCTCTGCGCAGCGCCAAAGAGGGGTGGCGAGCAGCAACG 8820
Qy 8821 GGCTGCTTCTTCTTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTTACCAATTTGGATAGACAG 8880
Db 8821 GGCTGCTTCTTCTTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTTACCAATTTGGATAGACAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTGGTACACCACTTCAATTAATTTGATGATTTTACTCCCGAGGGGATGTTT 8940
Db 8881 CGTGGCTGGTACACCACTTCAATTAATTTGATGATTTTACTCCCGAGGGGATGTTT 8940
Qy 8941 TATTACACCAAGAGATGACAGAGTTTCTGTGAAGTATTTGCTGATTTT 9000
Db 8941 TATTACACCAAGAGATGACAGAGTTTCTGTGAAGTATTTGCTGATTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTAGGGGCTATGCTGTGTGATTTAGCCATCAGCTGAACCCCAATTTCAAAATTA 9060
Db 9001 TGCCCTAGGGGCTATGCTGTGTGATTTAGCCATCAGCTGAACCCCAATTTCAAAATTA 9060
Qy 9061 CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGAGGGGAGCAAGCCCGGGC 9120
Db 9061 CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGAGGGGAGCAAGCCCGGGC 9120
Qy 9121 TTAACGACCCCGC 9133
Db 9121 TTAACGACCCCGC 9133

```

RESULT 6
AAT00130

```

ID AAT00130 standard; DNA; 9143 BP.
XX
XX AC AAT00130;
XX
XX 27-AUG-2003 (revised)
DT 02-JUL-1996 (first entry)
XX
XX Hepatitis GB virus (HBV) clone GB contig B.
DE Hepatitis GB virus; HBV; diagnosis; treatment; vaccine; reagents; non-A;
KW non-B; non-C; non-D; non-E; clone; GB contig B; tamarin; infected plasma;
KM lambda phage; cDNA library; se.
XX
XX Hepatitis G virus.
OS
XX
XX Key Location/Qualifiers
FH 446..9040
FT CDS /*tag= a
FT
FT W09521922-A2.
XX
XX 17-AUG-1995.
PD
XX
XX 14-FEB-1995; 95WO-US002118.
PF
XX
XX 14-FEB-1994; 94US-00196030.
PR 13-MAY-1994; 94US-00242654.
PR 29-JUL-1994; 94US-00283314.
PR 23-NOV-1994; 94US-00344185.
PR 23-NOV-1994; 94US-00344190.
PR 27-JAN-1995; 95US-00344557.
XX
XX (ABBO ) ABBOTT LAB.
XX
XX Simons JN, Pilot-Matias TU, Dawson GJ, Schlauder GG, Desai SM;
PI Leary TP, Muertoff AS, Erker JC, Bulik SL, Mushanwar IK;
XX
XX WPI: 1995-293123/38.
DR P-PSDB; AAR82072.
XX
XX Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E Hepatitis virus reagents - useful for
PT diagnosis and therapy of hepatitis GB virus.
XX
XX Example 9; Page 434-447; 661pp; English.
XX
XX Double stranded hepatitis GB virus (HBV) DNA obtd. from HBV infected
CC tamarin plasma, using standard procedures, was used to prepare a lambda
CC phage HGBV cDNA library. Clones were rescued from the lambda phage,
CC searched against a sequence database and found to be unique HBV
CC sequences. The clones were then used to assemble the sequences
CC AAT00129/30 (GB contig A and B) which encode the proteins AAR94345-47
CC (the 3 possible coding strand reading frames) and AAR82072, respectively.
CC Reagents which comprise the HBV DNA, or its protein prods. can be used
CC for the diagnosis, therapy or in a vaccine to prevent HBV infection.
CC (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX
XX
XX Sequence 9143 BP; 2071 A; 2266 C; 2349 G; 2457 T; 0 U; 0 Other;
SQ

```

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 2; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

```

Qy 1 ACCCAAAACACTCCAGTTTGTATACCTCCGCTAGGAATGCTCTGGAGACACCCCTAG 60
Db 1 ACCCAAAACACTCCAGTTTGTATACCTCCGCTAGGAATGCTCTGGAGACACCCCTAG 60
Qy 61 CAGGCGGTGGGGATTTCCCTGCGCTGTCAGAAAGGTGGAGCAACCACTTAGAT 120
Db 61 CAGGCGGTGGGGATTTCCCTGCGCTGTCAGAAAGGTGGAGCAACCACTTAGAT 120
Qy 61 CAGGCGGTGGGGATTTCCCTGCGCTGTCAGAAAGGTGGAGCAACCACTTAGAT 120
Db 61 CAGGCGGTGGGGATTTCCCTGCGCTGTCAGAAAGGTGGAGCAACCACTTAGAT 120
Qy 121 GTAGGCGGCGGAGCTATGACGCTGCGGTATGACAAAGCGCAAGCTTGATGATGC 180
Db 121 GTAGGCGGCGGAGCTATGACGCTGCGGTATGACAAAGCGCAAGCTTGATGATGC 180

```

QY 181 CCTGATGGGCGTTACATGGGTTGCGTGTGTTGCGGCTTTAGGACGCTTCACGCCACCA 240
Db 181 CCTGATGGGCGTTACATGGGTTGCGTGTGTTGCGGCTTTAGGACGCTTCACGCCACCA 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGGAAAGACCGGGGACCGGTCACTTACCAAGAGC 300
Db 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGGAAAGACCGGGGACCGGTCACTTACCAAGAGC 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCCCTCCGGAAGTATGTGGGACGACCACTATATGTGT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCCCTCCGGAAGTATGTGGGACGACCACTATATGTGT 360
QY 361 TGGGATGTGTGGGATTAGCCATTCATACCGTATCTGCTGATAGAGGTCTTGGGAGGAT 420
Db 361 TGGGATGTGTGGGATTAGCCATTCATACCGTATCTGCTGATAGAGGTCTTGGGAGGAT 420
QY 421 CTGGAGTCTCTGTAAGCCGTAGCACTGCTGTATTTTACTCAAAAGATCTGTAC 480
Db 421 CTGGAGTCTCTGTAAGCCGTAGCACTGCTGTATTTTACTCAAAAGATCTGTAC 480
QY 481 TGGGCCAGAGCGCGAAGAACAGAGAGCGAGGCTTATATCTGTCTGCTTAAAC 540
Db 481 TGGGCCAGAGCGCGAAGAACAGAGAGCGAGGCTTATATCTGTCTGCTTAAAC 540
QY 541 ATCTGTGTAAGAGGGAACAAGCAAGCGCAAGGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
Db 541 ATCTGTGTAAGAGGGAACAAGCAAGCGCAAGGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
QY 601 TTAACAAATTTGCTGTATTCATATGATGGCTTTCAGACATTTGGCTCTTGGCAC 660
Db 601 TTAACAAATTTGCTGTATTCATATGATGGCTTTCAGACATTTGGCTCTTGGCAC 660
QY 661 TCATGTGTGGGACGCGCAAGACCCCTGCAATAGTCTGCAATCTTGAATCCTTTGSA 720
Db 661 TCATGTGTGGGACGCGCAAGACCCCTGCAATAGTCTGCAATCTTGAATCCTTTGSA 720
QY 721 TTAACCTTTGGGATGTGATGTGATGTAACAATCAACACTCAACCTTATAGGCGCGTGT 780
Db 721 TTAACCTTTGGGATGTGATGTGATGTAACAATCAACACTCAACCTTATAGGCGCGTGT 780
QY 781 GGGAGAGGCGGTGTCTGACCAATCTGCAAGATAGCTTGTGAGAGATGAGATCA 840
Db 781 GGGAGAGGCGGTGTCTGACCAATCTGCAAGATAGCTTGTGAGAGATGAGATCA 840
QY 841 CTGGGCTACGTTGTTGCTGATGCTCAACCTTTTGTGATGCTGCTATCTTGGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACGTTGTTGCTGATGCTCAACCTTTTGTGATGCTGCTATCTTGGCTG 900
QY 901 TCCCTGTAGTGGGCGCGGATCACTGACCCAGACACAATAACCAATCTGACCAATTG 960
Db 901 TCCCTGTAGTGGGCGCGGATCACTGACCCAGACACAATAACCAATCTGACCAATTG 960
QY 961 CTGCGACGCTAATCAAGTTATCTATTTCTCTTCACTTGTGCTTCAAGAGCTTGTG 1020
Db 961 CTGCGACGCTAATCAAGTTATCTATTTCTCTTCACTTGTGCTTCAAGAGCTTGTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTGGGAGAGAGTGTGCTGCGGCAATCCGATCATCTCACACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGGGAGAGAGTGTGCTGCGGCAATCCGATCATCTCACACCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGGAATGGAAGGAGCTCTTCTTGTGCTGACCAATTTGATTTGATGGGCGCTCTGT 1140
Db 1081 TTGGAATGGAAGGAGCTCTTCTTGTGCTGACCAATTTGATTTGATGGGCGCTCTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGAGCGCTTGAATTTGTGATGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
Db 1141 GACCTGTGAGCGCTTGAATTTGTGATGTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
QY 1201 GCTTGTGAGGCACTGCTTATTCATATGACTCAATGAACTGTGATCTTGTGATCTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTGAGGCACTGCTTATTCATATGACTCAATGAACTGTGATCTTGTGATCTGGA 1260

QY 1261 AGTGGCACTGGAATAGATCCTTGGTTTCTAGAGGTTTATCGGATGATAGCGGCAAGGT 1320
Db 1261 AGTGGCACTGGAATAGATCCTTGGTTTCTAGAGGTTTATCGGATGATAGCGGCAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACCAACTGAGCTTCAAGATACCATATGATTTGCACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACCAACTGAGCTTCAAGATACCATATGATTTGCACTAT 1380
QY 1381 GTTTAGCAGTGTACATCTTGGCGGTTGGGCTGTGATCTATAGCTCTCGGGCAA 1440
Db 1381 GTTTAGCAGTGTACATCTTGGCGGTTGGGCTGTGATCTATAGCTCTCGGGCAA 1440
QY 1441 GTGGATAGAGTTGCTCTTGAAGGCTTATAGCTTATAGTAAGGACCTCGGAAACCTAT 1500
Db 1441 GTGGATAGAGTTGCTCTTGAAGGCTTATAGCTTATAGTAAGGACCTCGGAAACCTAT 1500
QY 1501 CAGGCTGCACTGATGCTCAATGATGATTTGCTGCTGCTTGTATGATACATGTC 1560
Db 1501 CAGGCTGCACTGATGCTCAATGATGATTTGCTGCTGCTTGTATGATACATGTC 1560
QY 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTGCAGAACTATTGTTACATGTCAGTCAAGTGAC 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTGCAGAACTATTGTTACATGTCAGTCAAGTGAC 1620
QY 1621 CAGGCTTATCACTCTAGATATACATCTCCATCTTGTGTAACCTTATACATCCCTG 1680
Db 1621 CAGGCTTATCACTCTAGATATACATCTCCATCTTGTGTAACCTTATACATCCCTG 1680
QY 1681 TGGGAGGGAATGATGTTAAATTCAAAAATACATAGGAGTGTGCGGATTTGCA 1740
Db 1681 TGGGAGGGAATGATGTTAAATTCAAAAATACATAGGAGTGTGCGGATTTGCA 1740
QY 1741 TGTGCATCTGTACTGCACTATGAGGACATGATGATGGAACGACATCTGCAACTTAA 1800
Db 1741 TGTGCATCTGTACTGCACTATGAGGACATGATGATGGAACGACATCTGCAACTTAA 1800
QY 1801 CGAATATGCGGTGTAAACCATGTGCTAAACCCCATAGGCAACCGGTGAGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAATATGCGGTGTAAACCATGTGCTAAACCCCATAGGCAACCGGTGAGCCCTGAA 1860
QY 1861 ATTTGCTATATTAACATACCTTGGCTTAAAGAAATGTTAAACCTATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTTGCTATATTAACATACCTTGGCTTAAAGAAATGTTAAACCTATATTTGATGTC 1920
QY 1921 AGGCCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTATAGACCTGTGAA 1980
Db 1921 AGGCCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTATAGACCTGTGAA 1980
QY 1981 TTTCATCTCTCTACCAACCGGAGAGTGGCTAGTGGCCGGTACCCCATGCTGTAG 2040
Db 1981 TTTCATCTCTCTACCAACCGGAGAGTGGCTAGTGGCCGGTACCCCATGCTGTAG 2040
QY 2041 TGGTCTTGTGTTAAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTGTGTAAGAAAGACTTACGCAAG 2100
Db 2041 TGGTCTTGTGTTAAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTGTGTAAGAAAGACTTACGCAAG 2100
QY 2101 ATTTGATCAACAAAGCAAAAGCTGGAATAATATACAGTCTTATATTCGCGCAAGGTG 2160
Db 2101 ATTTGATCAACAAAGCAAAAGCTGGAATAATATACAGTCTTATATTCGCGCAAGGTG 2160
QY 2161 TTTGTCTCTTACGGAATTAACCAAGGCGGTGAGTAAATCTGTGTGGGTTGTGTG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGGAATTAACCAAGGCGGTGAGTAAATCTGTGTGGGTTGTGTG 2220
QY 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACTCTGTTACTTGTCTTGTGTTGTGGGCGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACTCTGTTACTTGTCTTGTGTTGTGGGCGCTTC 2280
QY 2281 TGGTATACCTTTGCGCTCTGTCTCCATGCAAGTGTATCTTCAAGCTGTGCGGATGT 2340
Db 2281 TGGTATACCTTTGCGCTCTGTCTCCATGCAAGTGTATCTTCAAGCTGTGCGGATGT 2340
QY 2341 TTTGTCTAAGCTCAAGTGTCTTGTGCTTGTGATTTTCTTCACTGTGTGCTATCCG 2400

```
Db 2341 TTGTCATAAGCTCAAGTAGCTCTCTTTGCTTGAATTTTCATCTCTGTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGACAGGCTACGTTAAGCTGACCTTTTAGGGTTTGTGCCAATGCTGGGGCTTCCCT 2460
Db 2401 CTGACAGGCTACGTTAAGCTGACCTTTTAGGGTTTGTGCCAATGCTGGGGCTTCCCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTTGTGACAGACGCTGCTGCCAACCAATATATGACTGTGGGTGCGACTCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTTGTGACAGACGCTGCTGCCAACCAATATATGACTGTGGGTGCGACTCT 2520
Qy 2521 AGTGACAGGCTAGTTTGTGGGGCGGCGCTAACCGTGTACCGGCATAGCTTCTGT 2580
Db 2521 AGTGACAGGCTAGTTTGTGGGGCGGCGCTAACCGTGTACCGGCATAGCTTCTGT 2580
Qy 2581 AGGCTCTTGACCTCTGTAGAGCCTTTTAACTCTTTGCAATTTGTTAGCTTACGCTTACG 2640
Db 2581 AGGCTCTTGACCTCTGTAGAGCCTTTTAACTCTTTGCAATTTGTTAGCTTACGCTTACG 2640
Qy 2641 TTTTGATACCGAGATATTTGAGGGGCTGACAAATACACCTGTAGTATAGTTGAT 2700
Db 2641 TTTTGATACCGAGATATTTGAGGGGCTGACAAATACACCTGTAGTATAGTTGAT 2700
Qy 2701 GCTCTGTTTGGCTCTTTTGTCTACTTGTATCTGCTGTGCTTGTATTAAGTTACTCTATCT 2760
Db 2701 GCTCTGTTTGGCTCTTTTGTCTACTTGTATCTGCTGTGCTTGTATTAAGTTACTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGTGGGAGAAATGGTTTGGAAAGTTACAGTTACCTGAGACCGGAGAGTTTCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTGGGAGAAATGGTTTGGAAAGTTACAGTTACCTGAGACCGGAGAGTTTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCGTGACAAATGACCGCGTGTGATTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCGTGACAAATGACCGCGTGTGATTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTCAAGTGCAGATGCTTCTTTGGGACTGACTTGAAGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTCAAGTGCAGATGCTTCTTTGGGACTGACTTGAAGGT 2940
Qy 2941 TAGGGCCCAATGAAATGTTGGTGCCTCGGAAAGTGTATGCTGTATTCATATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCAATGAAATGTTGGTGCCTCGGAAAGTGTATGCTGTATTCATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGTGAGAAATGTTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGTGAGAAATGTTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Qy 3061 TGTGATGTCTTGCCTTAATGATTTTGCCTCGAACTACCAATTCGAAAGCAATTTTCC 3120
Db 3061 TGTGATGTCTTGCCTTAATGATTTTGCCTCGAACTACCAATTCGAAAGCAATTTTCC 3120
Qy 3121 TTTTAAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCGCTTGGGTGGGGAAC 3180
Db 3121 TTTTAAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCGCTTGGGTGGGGAAC 3180
Qy 3181 GGTGATGAGTTTGCCGTTGTGTGCGGCTCTCGGCACTTGTGTTTGGAGGTTAGCTAT 3240
Db 3181 GGTGATGAGTTTGCCGTTGTGTGCGGCTCTCGGCACTTGTGTTTGGAGGTTAGCTAT 3240
Qy 3241 GCCGCAAGTGGTGGGCAATTAACGCACTTTTACGCTGACAGTCTCTGAACTGG 3300
Db 3241 GCCGCAAGTGGTGGGCAATTAACGCACTTTTACGCTGACAGTCTCTGAACTGG 3300
Qy 3301 CACGCTGTCAAGATGAGCAAGTGTATGATGCTATTAACCCCGCACTTGTGACGGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTCAAGATGAGCAAGTGTATGATGCTATTAACCCCGCACTTGTGACGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAGATTAGGATCTCTGGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACACGTTG 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGGATCTCTGGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACACGTTG 3420
Qy 3421 GTATATGCTCAACATGGCAGCAAGGGGCGCGTTGGCTCATCCACAGGCTCATACA 3480
Db 3421 GTATATGCTCAACATGGCAGCAAGGGGCGCGTTGGCTCATCCACAGGCTCATACA 3480
Db 3421 GTATATGCTCAACATGGCAGCAAGGGGCGCGTTGGCTCATCCACAGGCTCATACA 3480
Qy 3481 CCCAATAACCGTTGACCGGCTTAATGACACAGACATCTATCAACCAACCATGTGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATAACCGTTGACCGGCTTAATGACACAGACATCTATCAACCAACCATGTGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTAATCTGGTCTCTTTCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAACGACTGGGGTC 3600
Db 3541 GTCCCTTAATCTGGTCTCTTTCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAACGACTGGGGTC 3600
Qy 3601 ATTTGATGAGGTCAACAAATCCGATGACCCCTAATTTGGTGTGTGGGGGCGCTCCAT 3660
Db 3601 ATTTGATGAGGTCAACAAATCCGATGACCCCTAATTTGGTGTGTGGGGGCGCTCCAT 3660
Qy 3661 GGTCTGTGCAAGGGGTTCTTCAGGTGCGCCGATTCGTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Db 3661 GGTCTGTGCAAGGGGTTCTTCAGGTGCGCCGATTCGTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Qy 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGTTCACTCACTGATGATTAAGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGTTCACTCACTGATGATTAAGGTTAGCCGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGCTGATACCATCCCGATACAGCAATGCACTCTTGTATACAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGCTGATACCATCCCGATACAGCAATGCACTCTTGTATACAAACCTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAACAGATTAATCAGTCAAAATTTTATTTGCCCCCACTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACAGATTAATCAGTCAAAATTTTATTTGCCCCCACTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTAACCACTTTCTTAATGATGAGAGAGATGAGGTTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCACTTTCTTAATGATGAGAGAGATGAGGTTCTTAAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGTCAACACAGATCAATGCTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4020
Db 3961 GGTCAACACAGATCAATGCTCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4020
Qy 4021 CTATTTTAATGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4080
Qy 4081 GTACCTGACCGGACATGTTCCCGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGACATGTTCCCGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGGGCTTTGGAAGAGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGTGTGGGCTTTGGAAGAGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAAAA 4200
Qy 4201 TGTAGGCTAGTGTGTTCTGACAGGCTACCCCGTGGAGTAAATCCCTACACGATGC 4260
Db 4201 TGTAGGCTAGTGTGTTCTGACAGGCTACCCCGTGGAGTAAATCCCTACACGATGC 4260
Qy 4261 CAACTAATGATGATTAATTAACGATGAAAGGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACTAATGATGATTAATTAACGATGAAAGGCACTATCCCTTTCAATGAAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTAGAGCTACAAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTAGAGCTACAAAAAAACCTG 4380
Qy 4381 TGAATGAGTGTCTAAGGATGAGTGTGAAAGGAAATTAACAGTGTCTTCTATTAAGGGG 4440
Db 4381 TGAATGAGTGTCTAAGGATGAGTGTGAAAGGAAATTAACAGTGTCTTCTATTAAGGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACTGTGTATCTTTGATTCCTGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGTGTATCTTTGATTCCTGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4560
```

OY	4551	ATGCCATGTGA	CTTGA	CCCTACT	TTTACA	CATAGGG	TTTGGTGTGG	CGGGG	TTTACG	4620
Db	4561	ATGCCATGTGA	CCCTGA	CCCTACT	TTTACAT	CATAGGG	TTTGGTGTGG	CGGGG	TTTACG	4620
OY	4621	AATAGTTAA	GGCCG	CGTAG	GGGCG	CACAG	CGCGTG	GGGAG	CTGGCATAT	4680
Db	4621	AATAGTTAA	GGCCG	CGTAG	GGGCG	CACAG	CGCGTG	GGGAG	CTGGCATAT	4680
OY	4661	TGTAG	CGGAG	TTTAC	CCCTCG	GGTAT	GGTTCT	GTGAAG	CAAT	4740
Db	4661	TGTAG	CGGAG	TTTAC	CCCTCG	GGTAT	GGTTCT	GTGAAG	CAAT	4740
OY	4741	CGAGCAG	CCCAAG	GATGTAT	GGTTTGT	CAACA	CAAGACT	CAAACT	ATTTG	4800
Db	4741	CGAGCAG	CCCAAG	GATGTAT	GGTTTGT	CAACA	CAAGACT	CAAACT	ATTTG	4800
OY	4801	CTATG	CA	CCCA	CTGGG	TTAC	CTGCAT	TAGAG	CAAAATTTG	4860
Db	4801	CTATG	CA	CCCA	CTGGG	TTAC	CTGCAT	TAGAG	CAAAATTTG	4860
OY	4861	CTTTTCT	TAT	GTCAA	CCCCCG	GAAC	CTTTCAT	TGTCAAT	CTGCAAAA	4920
Db	4861	CTTTTCT	TAT	GTCAA	CCCCCG	GAAC	CTTTCAT	TGTCAAT	CTGCAAAA	4920
OY	4921	TTATG	TTT	GTGTA	CTG	CAG	CCCACT	CAACT	GTGTAT	4980
Db	4921	TTATG	TTT	GTGTA	CTG	CAG	CCCACT	CAACT	GTGTAT	4980
OY	4981	CATAG	CGCAC	CCG	TGG	CAG	GGAG	CCCG	CTTGG	5040
Db	4981	CATAG	CGCAC	CCG	TGG	CAG	GGAG	CCCG	CTTGG	5040
OY	5041	GCG	CTTGA	CGG	CGTGA	CG	CTGTG	CC	TGGG	5100
Db	5041	GCG	CTTGA	CGG	CGTGA	CG	CTGTG	CC	TGGG	5100
OY	5101	AATG	CTTCA	CTGA	AGTCA	AT	CTTCT	GGG	CAG	5160
Db	5101	AATG	CTTCA	CTGA	AGTCA	AT	CTTCT	GGG	CAG	5160
OY	5161	GGCTAT	GGCTAT	CTAG	CACTTGA	CACTTGG	CGGCA	CTTGTG	CGGCG	5220
Db	5161	GGCTAT	GGCTAT	CTAG	CACTTGA	CACTTGG	CGGCA	CTTGTG	CGGCG	5220
OY	5221	TATTG	CACTAG	CCCTTAC	CGG	GTACT	CG	CCCA	CTG	5280
Db	5221	TATTG	CACTAG	CCCTTAC	CGG	GTACT	CG	CCCA	CTG	5280
OY	5281	GGAGG	AGTGTG	ATTCAT	TTCCTT	GGAGG	CCAT	TGGTGTG	CAAT	5340
Db	5281	GGAGG	AGTGTG	ATTCAT	TTCCTT	GGAGG	CCAT	TGGTGTG	CAAT	5340
OY	5341	GAGTAC	ATCA	CCAA	CTAG	CCCTTGA	CACTTGG	AAAC	CGG	5400
Db	5341	GAGTAC	ATCA	CCAA	CTAG	CCCTTGA	CACTTGG	AAAC	CGG	5400
OY	5401	CTTTCT	GGG	CTCAT	GGAG	CTAC	CAAT	CTTGT	ATCA	5460
Db	5401	CTTTCT	GGG	CTCAT	GGAG	CTAC	CAAT	CTTGT	ATCA	5460
OY	5461	CAC	TTTAC	CTGA	CAAT	CCCTT	GGAT	CAAT	AGG	5520
Db	5461	CAC	TTTAC	CTGA	CAAT	CCCTT	GGAT	CAAT	AGG	5520
OY	5521	CCCA	CTAC	CTCA	CAAG	ATCA	AAAT	TTTCT	GTCA	5580
Db	5521	CCCA	CTAC	CTCA	CAAG	ATCA	AAAT	TTTCT	GTCA	5580
OY	5581	GCTTAC	AG	CGTTA	GGG	CGCAT	GTG	CAAT	AGG	5640
Db	5581	GCTTAC	AG	CGTTA	GGG	CGCAT	GTG	CAAT	AGG	5640
OY	5640	GCTTAC	AG	CGTTA	GGG	CGCAT	GTG	CAAT	AGG	5640
Db	5640	GCTTAC	AG	CGTTA	GGG	CGCAT	GTG	CAAT	AGG	5640

QY	5641	TGTCACATGCAATCCGGGGGTTTGGCTTTGACATGCTAAGCGGCTATGCTGCCGCTC	5700
Db	5641	TGTCACATGCAATCCGGGGGTTTGGCTTTGACATGCTAAGCGGCTATGCTGCCGCTC	5700
QY	5701	ATCCACGCTGCTGCTTGAATTAAATGCTTGAATGGGAGAGGGCCACTATAGATCAAGCT	5760
Db	5701	ATCCACGCTGCTGCTTGAATTAAATGCTTGAATGGGAGAGGGCCACTATAGATCAAGCT	5760
QY	5761	TGCTGGTTAGTCTTACATCCGGCTTCAATCCGGCCGACAGAGTTGGGCGCTTGTGACG	5820
Db	5761	TGCTGGTTAGTCTTACATCCGGCTTCAATCCGGCCGACAGAGTTGGGCGCTTGTGACG	5820
QY	5821	TTTGTCACATGTTTCTTTGACACAGACAGGGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Db	5821	TTTGTCACATGTTTCTTTGACACAGACAGGGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
QY	5881	TATGCTTGCTAAGAGCAACCTGTAATGATATGATATGATGACTTATATTCACCTGTCATCCG	5940
Db	5881	TATGCTTGCTAAGAGCAACCTGTAATGATATGATATGATGACTTATATTCACCTGTCATCCG	5940
QY	5941	CAGAGAATACCTGGGCAATTCGAGAGCATACCCCTGAGTGTCAATACGCTTGCAT	6000
Db	5941	CAGAGAATACCTGGGCAATTCGAGAGCATACCCCTGAGTGTCAATACGCTTGCAT	6000
QY	6001	CCGTTGGCTCAACCCCGACGAGAGATGATTCGGGCTCATTCCTTGGGCTTACAGAT	6060
Db	6001	CCGTTGGCTCAACCCCGACGAGAGATGATTCGGGCTCATTCCTTGGGCTTACAGAT	6060
QY	6061	TTGGCAGATGTGCAAAATTTCTTGGATTTGGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGGAGTTCA	6120
Db	6061	TTGGCAGATGTGCAAAATTTCTTGGATTTGGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGGAGTTCA	6120
QY	6121	GAGATGGTTAACTTCTGGTTGTCCTTTCTACAGCTGACAGAGGGGTTACAGAGGCC	6180
Db	6121	GAGATGGTTAACTTCTGGTTGTCCTTTCTACAGCTGACAGAGGGGTTACAGAGGCC	6180
QY	6181	CTGATATGGATCAGATATGCTCCAGACGCTGTCCATGCGGTCTGAATCTATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGATATGGATCAGATATGCTCCAGACGCTGTCCATGCGGTCTGAATCTATCTTTTC	6240
QY	6241	TGTTGAGAAATGTTTTGCCAAAATTTTCAAAAGACCCAGAACTTGTTCAATTAATCTGGAG	6300
Db	6241	TGTTGAGAAATGTTTTGCCAAAATTTTCAAAAGACCCAGAACTTGTTCAATTAATCTGGAG	6300
QY	6301	AGGGGCTGTTCACTCAACCGCTAGCGTGTGGTCCGCTCAGACCCGACCCMACTGATG	6360
Db	6301	AGGGGCTGTTCACTCAACCGCTAGCGTGTGGTCCGCTCAGACCCGACCCMACTGATG	6360
QY	6361	GACTAGTCTTGTGCTCAATTAATGGCGTTAAGGACCTACTGTAATATGAAATGGAGAA	6420
Db	6361	GACTAGTCTTGTGCTCAATTAATGGCGTTAAGGACCTACTGTAATATGAAATGGAGAA	6420
QY	6421	TCACTTTTTTTGTACAGAGATATCTCCAAATGTCGTTTTACCCAGGGGCCCCCAAC	6480
Db	6421	TCACTTTTTTTGTACAGAGATATCTCCAAATGTCGTTTTACCCAGGGGCCCCCAAC	6480
QY	6481	CTTGAGAGCTCAGTGGCGCTGAGACGGCGTACAGGTTCAAGTATATCTAGTGAAGCCAA	6540
Db	6481	CTTGAGAGCTCAGTGGCGCTGAGACGGCGTACAGGTTCAAGTATATCTAGTGAAGCCAA	6540
QY	6541	AACCTCTTGAACGATCTGCTGTTACCGGTCCGGACGGTAAGGGTTAAACCTGTATTA	6600
Db	6541	AACCTCTTGAACGATCTGCTGTTACCGGTCCGGACGGTAAGGGTTAAACCTGTATTA	6600
QY	6601	GCTTCCCTTCCGCGTGAACGCTCAACCTGTGTGTGCAATCTTAATTTTTCGCTGA	6660
Db	6601	GCTTCCCTTCCGCGTGAACGCTCAACCTGTGTGTGCAATCTTAATTTTTCGCTGA	6660
QY	6661	TGCACCTTGAACAATGACTGTAATTTCCAAACAAACACTCTTAGTGAAGACCGCAGT	6720
Db	6661	TGCACCTTGAACAATGACTGTAATTTCCAAACAAACACTCTTAGTGAAGACCGCAGT	6720
QY	6721	GTCCGCTCTTGTTCAAACAGAGATTGGCGGCTACAAACCAATTGTCTTGAAGCAATTC	6780

Db 6721 GTCCGCTCTTGTTCACACAGAGAGTGGGGTTCACCAATGCTTGAAGCCAAATTTC 6780
Qy 6781 AACTGGCGTTGACACCAACCAACTGACAGCCCCCTTCATCGAAGAGTATGTTAGAA 6840
Db 6781 AACTGGCGTTGACACCAACCAACTGACAGCCCCCTTCATCGAAGAGTATGTTAGAA 6840
Qy 6841 GCGCAGATTCCGGGAGAGAACTGGTTCGTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
Db 6841 GCGCAGATTCCGGGAGAGAACTGGTTCGTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
Qy 6901 AGAGTGTCAATGCTCTGAAGAGCTGCAAGAGTACCCGTTAGAGGCTTCCTCAACT 6960
Db 6901 AGAGTGTCAATGCTCTGAAGAGCTGCAAGAGTACCCGTTAGAGGCTTCCTCAACT 6960
Qy 6961 CCCTCTTCACACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGATGCCCCCTTGTGGAGCAGTGA 7020
Db 6961 CCCTCTTCACACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGATGCCCCCTTGTGGAGCAGTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTGATGTGCAATGACCGAAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTGATGTGCAATGACCGAAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTAACCACTTACCTTCCCAAAAGAGGTCTCTGAATGTGACGAAAGTTGTCGAC 7140
Db 7081 TTTAACCACTTACCTTCCCAAAAGAGGTCTCTGAATGTGACGAAAGTTGTCGAC 7140
Qy 7141 GGCCTCAACACCTTTCAGCTACGTTACTGAGCCCGCTGACCTAGATACGGGAAAGGA 7200
Db 7141 GACTACAAACCTCTTCAGCTACGTTACTGAGCCCGCTGACCTAGATACGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTCACTACGATGAGCCCGCCCAAAAGGCTTACAAAGAAAGTTGGAAAGAGTGA 7260
Db 7201 TTCACTACGATGAGCCCGCCCAAAAGGCTTACAAAGAAAGTTGGAAAGAGTGA 7260
Qy 7261 TTGCTGACAGATGAGCTTACCTGACCGAGCTGATGCTTCAAACTGCTTCAAGT 7320
Db 7261 TTGCTGACAGATGAGCTTACCTGACCGAGCTGATGCTTCAAACTGCTTCAAGT 7320
Qy 7321 TCTGCTGCACTCGGGGCACTAGTGTGCTTCTCAAAAGAAATGATGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGCTGCACTCGGGGCACTAGTGTGCTTCTCAAAAGAAATGATGTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTAGCGCGGGAGTGGGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTATTAATAGCAACTCT 7440
Db 7381 GACTAGCGCGGGAGTGGGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTATTAATAGCAACTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATATACACACAGCAAGTGAATGCTTAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATATATACACAGCAAGTGAATGCTTAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTCAATGTTGGAGCTATGATGAGTAGAGTCAACGCGCTTAAGTCTGCTAATC 7560
Db 7501 CGGTGTCAATGTTGGAGCTATGATGAGTAGAGTCAACGCGCTTAAGTCTGCTAATC 7560
Qy 7561 CCACATCACTGGCTTCCGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGAGCCCGCAAGGCTTCT 7620
Db 7561 CCACATCACTGGCTTCCGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGAGCCCGCAAGGCTTCT 7620
Qy 7621 GGAATTGAGAGAGTGTGAGGAGAGTGAATACCGAGTCAATTATGCGCAAACTGTAT 7680
Db 7621 GGAATTGAGAGAGTGTGAGGAGAGTGAATACCGAGTCAATTATGCGCAAACTGTAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGAGTCTTGTGTAAGACCCCGCAAGAAACCAAGAAAGCCCGCAAG 7740
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGAGTCTTGTGTAAGACCCCGCAAGAAACCAAGAAAGCCCGCAAG 7740
Qy 7741 GCTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGTTGTAAGAGTGTACTACGTCAGGT 7800
Db 7741 GCTATCTGTAACCCCACTTGAATGATGTTGTAAGAGTGTACTACGTCAGGT 7800
Qy 7801 TGCTCTGACGTAGTTAAAGCTGTGATGGAGATCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC 7860
Db 7801 TGCTCTGACGTAGTTAAAGCTGTGATGGAGATCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC 7860
Db 7861 CCGTGTCAAGGCTCTGTGTGATGTGTCAACCCGATGCGAGCCACATGCGATAC 7920
Qy 7861 CCGTGTCAAGGCTCTGTGTGATGTGTCAACCCGATGCGAGCCACATGCGATAC 7920
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Qy 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Qy 7981 AGCAGCTTAACTCACTGAGCAACACCGAGCTGGGCTTCAACCACTTGGAGGCACTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTTAACTCACTGAGCAACACCGAGCTGGGCTTCAACCACTTGGAGGCACTTATA 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCTAGGTGAGTGC 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCTAGGTGAGTGC 8100
Qy 8101 TTCCGGCGTCTATACCTCAAGTTCCAAAGTTGACCTGCTGCTGAAGCTAATGC 8160
Db 8101 TTCCGGCGTCTATACCTCAAGTTCCAAAGTTGACCTGCTGCTGAAGCTAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAAAGGCTGGCATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGAGATTTGAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGAAAGGCTGGCATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGGCGGAGATTTGAC 8220
Qy 8221 CGTATTTGAAAGAGCGCCGAGAGATGACAGCAAAACAAAGTATGCTGTTGCTAG 8280
Db 8221 CGTATTTGAAAGAGCGCCGAGAGATGACAGCAAAACAAAGTATGCTGTTGCTAG 8280
Qy 8281 CTGATGAGAGTGTGAGTGCACCAAGATGTTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Db 8281 CTGATGAGAGTGTGAGTGCACCAAGATGTTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATGATGCTATATAAATGTTACTCTGTGAAATTAACAAAGTGGCAACCTTA 8400
Db 8341 AGAATTAACATGATGCTATATAAATGTTACTCTGTGAAATTAACAAAGTGGCAACCTTA 8400
Qy 8401 CTACTTTCTTCAAGAGATCTCGTATCCCTTGGCAGGAGTCTGCGAGGCTGAGG 8460
Db 8401 CTACTTTCTTCAAGAGATCTCGTATCCCTTGGCAGGAGTCTGCGAGGCTGAGG 8460
Qy 8461 ATACACCCAGTCTGCGGATGAGTGGATCTAATATACATCAACCATGTTGTGGGT 8520
Db 8461 ATACACCCAGTCTGCGGATGAGTGGATCTAATATACATCAACCATGTTGTGGGT 8520
Qy 8521 TAGCCGTGTGTTGCTGCTCAATTCATGAGACATGCTCTTTAGAGCAAACTTCCGA 8580
Db 8521 TAGCCGTGTGTGCTGCTCAATTCATGAGACATGCTCTTTAGAGCAAACTTCCGA 8580
Qy 8581 GACGCTGACCTTTGACCTGTATGAGGAAATTAATACGCTGCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Db 8581 GACGCTGACCTTTGACCTGTATGAGGAAATTAATACGCTGCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATGCTGTGTGACAGGATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCTTACACCAAGCTGA 8700
Db 8641 CATCATGCTGTGTGACAGGATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCTTACACCAAGCTGA 8700
Qy 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATACATACAGATGACATGCTGCTGCGAGCTGGCG 8760
Db 8701 GATCCTCAGAGTTTCCCAATACATACAGATGACATGCTGCTGCGAGCTGGCG 8760
Qy 8761 AAAGAAAGCCAGGAGGCTGCTGCGAGGCGCAAGAGGAGGCTGGAGAGACAGCAAAATT 8820
Db 8761 AAAGAAAGCCAGGAGGCTGCTGCGAGGCGCAAGAGGAGGCTGGAGAGACAGCAAAATT 8820
Qy 8821 GGTCTGCTTCTCTTCTGCAATGCTTACCTTACCTTACAGATTTGATTAAGACAG 8880
Db 8821 GGTCTGCTTCTCTTCTGCAATGCTTACCTTACCTTACAGATTTGATTAAGACAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTGTGACACACTTTCATTAATGATGATTTATCTCCCGAGGAGGAGTGT 8940
Db 8881 CGTGGCTGTGACACACTTTCATTAATGATGATTTATCTCCCGAGGAGGAGTGT 8940

QY 8941 TATTACACACAGAGAGATTGACAGAGTTCTGTGAAGTATTTGGCTGTGCTATTGTTT 9000
 DB 8941 TTTTACACACAGAGAGATTGACAGAGTTCTGTGAAGTATTTGGCTGTGCTATTGTTT 9000
 QY 9001 TCCCTTACAGGCTCATTTGCTGTGATTTACCATTCAGCTTAACCCCAATTTTCAAAATTAA 9060
 DB 9001 TCCCTTACAGGCTCATTTGCTGTGATTTACCATTCAGCTTAACCCCAATTTTCAAAATTAA 9060
 QY 9061 CTACAG-----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGCGAGCGGCAACAGGAGACCCC 9116
 DB 9061 TTTACAGTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT 9120
 QY 9117 GGGCTTACGACCCCGC 9133
 DB 9121 GGGCTTACGACCCCGC 9137

RESULT 7
 AA55376
 ID AA55376 standard; DNA; 9143 BP.
 XX
 AC AA55376;
 DT 06-AUG-2003 (revised)
 DT 30-AUG-2000 (first entry)
 XX
 DE Hepatitis GB virus nucleotide sequence SEQ ID NO:390.
 XX
 KW Hepatitis GB virus; HGBV, diagnosis; therapeutic; immunogenic; infection;
 KW detection; characterisation; hepatitis; ds.
 XX
 OS Hepatitis GB virus.
 XX
 PN US6051344
 XX
 PD 18-APR-2000.
 XX
 PF 07-JUN-1995; 95US-00488445.
 XX
 PR 14-FEB-1994; 94US-00196030.
 PR 13-MAY-1994; 94US-00242654.
 PR 29-JUL-1994; 94US-00283314.
 PR 23-NOV-1994; 94US-00344185.
 PR 23-NOV-1994; 94US-00344190.
 PR 30-JAN-1995; 95US-00377557.
 XX
 PA (ABBO) ABBOTT LAB.
 PI Dawson GJ, Leary TP, Muerhoff AS, Pilot-Matias TJ, Buik SL,
 PI Mushahwar IK, Simons JN, Desai SM, Erker JC, Schlauder GG;
 XX
 DR WPI; 2000-338307/29.
 PS
 PT Detecting target hepatitis GB virus nucleic acid in a test sample
 PT suspected of containing HGBV comprises reacting the test sample the HGBV
 PT polynucleotide probe and detecting the complex that contains target HGBV.
 XX
 Example 9; Col 409-418; 369pp; English.
 CC The present invention describe a method for detecting target hepatitis GB
 CC virus (HGBV) nucleic acid (THN) in a test sample (T) suspected of
 CC containing HGBV. The method involves reacting (T) with a HGBV
 CC polynucleotide probe (I) containing 15 contiguous nucleotides, and which
 CC selectively hybridises to the HGBV genome or its full complement, and
 CC detecting the complex that contains THN, indicating the presence of
 CC target HGBV. The method is used for detecting target HGBV nucleic acid in
 CC the test sample suspected of containing HGBV and for characterisation of
 CC newly ascertained etiological agent of non-A, non-B, non-C, non-D and non
 CC -E hepatitis causing agents collectively termed as hepatitis GB virus.
 CC AA55270 to AA55489 and AAB08985 to AAB09480 represent nucleotide and
 CC protein sequences used in the exemplification of the present invention.
 CC (Updated on 06-AUG-2003 to correct OS field.)

XX
 SQ Sequence 9143 BP; 2071 A; 2266 C; 2349 G; 2457 T; 0 U; 0 Other;
 Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;
 Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
 Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

QY 1 ACCAACAACCTCCAGTTTGTTCACCTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACCCCTCTG 60
 DB 1 ACCAACAACCTCCAGTTTGTTCACCTCCGCTAGGAATGCTCTGAGACCCCTCTG 60
 QY 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCCCCCTGCTGAGAGGGTGGAGCAACCACTAGTAT 120
 DB 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCCCCCTGCTGAGAGGGTGGAGCAACCACTAGTAT 120
 QY 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCCCCCTGCTGAGAGGGTGGAGCAACCACTAGTAT 120
 DB 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCCCCCTGCTGAGAGGGTGGAGCAACCACTAGTAT 120
 QY 121 GTAGCGGCGGGGACTCATGACGCTGCGTGTATGACAAAGCGCAACCTTGTATGAC 180
 DB 121 GTAGCGGCGGGGACTCATGACGCTGCGTGTATGACAAAGCGCAACCTTGTATGAC 180
 QY 121 GTAGCGGCGGGGACTCATGACGCTGCGTGTATGACAAAGCGCAACCTTGTATGAC 180
 DB 121 GTAGCGGCGGGGACTCATGACGCTGCGTGTATGACAAAGCGCAACCTTGTATGAC 180
 QY 181 CCTGATGGGCGCTTCAATGAGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 240
 DB 181 CCTGATGGGCGCTTCAATGAGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 240
 QY 241 CCTCCCAATAGAGCGGGGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCATCAAGAGAG 300
 DB 241 CCTCCCAATAGAGCGGGGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCATCAAGAGAG 300
 QY 241 CCTCCCAATAGAGCGGGGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCATCAAGAGAG 300
 DB 241 CCTCCCAATAGAGCGGGGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCATCAAGAGAG 300
 QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAAGCTCCGGAAGTATGGGCAACCCCACTATATGTGT 360
 DB 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAAGCTCCGGAAGTATGGGCAACCCCACTATATGTGT 360
 QY 361 TGGAGTGTGGGGGTTAGCCATCATACCGTATCTGCTGATAGGTTCTTGGAGGGAT 420
 DB 361 TGGAGTGTGGGGGTTAGCCATCATACCGTATCTGCTGATAGGTTCTTGGAGGGAT 420
 QY 421 CTGGAGTCTGTACACCGTATGACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 480
 DB 421 CTGGAGTCTGTACACCGTATGACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 480
 QY 481 TCGGCCCAAGACGCGCAAGAACAGACGAGCGCTTCAATCTGCTGCTGCTGCTGCTG 540
 DB 481 TCGGCCCAAGACGCGCAAGAACAGACGAGCGCTTCAATCTGCTGCTGCTGCTGCTG 540
 QY 541 ATCTGTTAAAGGGGACAAAGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGG 600
 DB 541 ATCTGTTAAAGGGGACAAAGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGG 600
 QY 601 TTAGCAAAATGCTGATATCCATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 660
 DB 601 TTAGCAAAATGCTGATATCCATGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 660
 QY 661 TCATGTTGGGGGACCCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTCTG 720
 DB 661 TCATGTTGGGGGACCCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTCTG 720
 QY 721 TTAGCTTTGGGGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
 DB 721 TTAGCTTTGGGGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
 QY 781 GGCAGAGAGCGGTCTGACACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 840
 DB 781 GGCAGAGAGCGGTCTGACACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 840
 QY 841 CTGGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
 DB 841 CTGGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
 QY 901 TCCCTGTAGTGGGGGCGGGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 960
 DB 901 TCCCTGTAGTGGGGGCGGGGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 960
 QY 961 CTGGCAGGTATGAGTTAT 1020

Db 961 CTGCAGGCTATCAGGTTATCTATGTTCTCTCCACTTGCCCTACAGAGCCTGGTTG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCCAACTCCATATCTCACACCCCTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTTCCCGCCAACTCCATATCTCACACCCCTCCAA 1080
Qy 1081 TTGGAAGTGGACGAGCTCTTCTTGCGCTGACCACTTGAATTTTGTATGGCGCTCTTGT 1140
Db 1081 TTGGAAGTGGACGAGCTCTTCTTGCGCTGACCACTTGAATTTTGTATGGCGCTCTTGT 1140
Qy 1141 GACCGTGAAGCCGCTTGACATTTGAGATGTGTGGTGGCGGTGATTTAGCGGTGACTG 1200
Db 1141 GACCGTGAAGCCGCTTGACATTTGAGATGTGTGGTGGCGGTGATTTAGCGGTGACTG 1200
Qy 1201 GCTTGTCAAGGACCTGCTTATTCATAGACCTCATAGAACTGGTACTTGTACTTGA 1260
Db 1201 GCTTGTCAAGGACCTGCTTATTCATAGACCTCATAGAACTGGTACTTGTACTTGA 1260
Qy 1261 AGTGCCTCACTGGAATAGATCTGGGTTCTTAGGGTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
Db 1261 AGTGCCTCACTGGAATAGATCTGGGTTCTTAGGGTTATCGGGTGAATGGCCGCAAGGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTACCTTCTTGACCAACTGGCTTCAACAAGTACATACGCTATTTGGACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTACCTTCTTGACCAACTGGCTTCAACAAGTACATACGCTATTTGGACTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGCAGTGTACACTACTGCGGTTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Db 1381 GTTTAGCAGTGTACACTACTGCGGTTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Qy 1441 GTGATACAGTGTCTCTTAGCGGCTTATGCTTTACATAGAACGACCTCTGAAACCTTAT 1500
Db 1441 GTGATACAGTGTCTCTTAGCGGCTTATGCTTTACATAGAACGACCTCTGAAACCTTAT 1500
Qy 1501 CAGGCTGCCACTGATGCTCATAGCTGATTTTGGCTGCGCTTGTAGATACCATGTC 1560
Db 1501 CAGGCTGCCACTGATGCTCATAGCTGATTTTGGCTGCGCTTGTAGATACCATGTC 1560
Qy 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTGTCAAGAGTCAATTTGTTCACAGTCCAAAGTGCAC 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAAGATGTGTCAAGAGTCAATTTGTTCACAGTCCAAAGTGCAC 1620
Qy 1621 CAGGCTGTCACTCTAGAGATTAACAATCTCATATCTTGATACCCCTTATCAATCCCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTGTCACTCTAGAGATTAACAATCTCATATCTTGATACCCCTTATCAATCCCTGG 1680
Qy 1681 TGGCAGGGGATGTATGTGTTAAATTCMAAATTAACAATGAGGGTGTGCTGCTATTCGCAA 1740
Db 1681 TGGCAGGGGATGTATGTGTTAAATTCMAAATTAACAATGAGGGTGTGCTGCTATTCGCAA 1740
Qy 1741 TGTGCATCTGACTGCACTATGGGCACTGATGCAGTGTGGAACGACATCGCAACACTTA 1800
Db 1741 TGTGCATCTGACTGCACTATGGGCACTGATGCAGTGTGGAACGACATCGCAACACTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGAGCTAAACAACCGCATGGCAACCGCTCAGGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGAGCTAAACAACCGCATGGCAACCGCTCAGGCCCTGAA 1860
Qy 1861 ATTGGCTATTTAAATACCTCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAACTCTAATTTGATGTCTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATTTAAATACCTCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAACTCTAATTTGATGTCTC 1920
Qy 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTA 1980
Db 1921 AGGCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGGAGGTGGCTAGGTTGCGCGGTACCCCACTGTGTAGC 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGGAGGTGGCTAGGTTGCGCGGTACCCCACTGTGTAGC 2040
Qy 2041 TGTGTTCTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGGTGTTCACATGATGTGAAGAGCTAGCACAAGG 2100
Db 2041 TGTGTTCTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGGTGTTCACATGATGTGAAGAGCTAGCACAAGG 2100

Qy 2101 ATTGATCACCAAAAGAGCTTGAAAAAATTATCAGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC 2160
Db 2101 ATTGATCACCAAAAGAGCTTGAAAAAATTATCAGTCTTATATTCGCGCACGGGTGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTAACGGGATTAACACAGGCGGTGTCTAATTCCTGTTGGGGTGTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTAACGGGATTAACACAGGCGGTGTCTAATTCCTGTTGGGGTGTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGGCTACTCTGTATCTTGTGCTCTTGTGTTGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGGCTACTCTGTATCTTGTGCTCTTGTGTTGGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGTGTACCTTTTGGCTCTGTGCTCCATCCAGTGTATCCAGCTGGCTGGAGTGT 2340
Db 2281 TGTGTACCTTTTGGCTCTGTGCTCCATCCAGTGTATCCAGCTGGCTGGAGTGT 2340
Qy 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACTCTTGTGCTTGAATTTCTTCAATCTGTGTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACTCTTGTGCTTGAATTTCTTCAATCTGTGTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAGGCTACGTTATGCTGCTTTTAAAGGTTTGTGCGCAATGAGCTGGGCTTGCCT 2460
Db 2401 CTGCAGGCTACGTTATGCTGCTTTTAAAGGTTTGTGCGCAATGAGCTGGGCTTGCCT 2460
Qy 2461 AACTTCTTTTGTGACAGCTGCTGCCCAACAGATTAATGATGCTGGGTGCGACTGCT 2520
Db 2461 AACTTCTTTTGTGACAGCTGCTGCCCAACAGATTAATGATGCTGGGTGCGACTGCT 2520
Qy 2521 AGTGCAGGGTATGTTTGTGGGCGGCGGTACACCGTGTGTACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGCAGGGTATGTTTGTGGGCGGCGGTACACCGTGTGTACCGCATAGCTGTGCTGT 2580
Qy 2581 AGGTCTTGGGCTGTGGAGGCTTTTAAACCTCTGTGATTTGGTTAGCGGCTTGTACG 2640
Db 2581 AGGTCTTGGGCTGTGGAGGCTTTTAAACCTCTGTGATTTGGTTAGCGGCTTGTACG 2640
Qy 2641 TTTTATACCGAGATTAATGGAGGCTGACATTAACAACCTGTAGTACGATTAAGTTGTAT 2700
Db 2641 TTTTATACCGAGATTAATGGAGGCTGACATTAACAACCTGTAGTACGATTAAGTTGTAT 2700
Qy 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTACTGTTTAACTGTGCTGTGCTTGTATTAATCTCTATCT 2760
Db 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTACTGTTTAACTGTGCTGTGCTTGTATTAATCTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGTGTGGAGAAATGTTTGGAAAGTTTGAACCTTAAGACCGAGAGGTTTCTCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTGTGGAGAAATGTTTGGAAAGTTTGAACCTTAAGACCGAGAGGTTTCTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTGTTCCCGGTGCGACATATGACGCGCTGTGTGACTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTGTTCCCGGTGCGACATATGACGCGCTGTGTGACTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCAATCAGTGTGCAATCTGTTTGGAGTACTCTAGGCT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCAATCAGTGTGCAATCTGTTTGGAGTACTCTAGGCT 2940
Qy 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGGGCTGTGGAAGTGTCAAGCTGTATCTCATTTATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGGGCTGTGGAAGTGTGTCAAGCTGTATCTCATTTATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATAGTTTGTGTAAGATGTGTGTTTCTTAAAGCACTTGCA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATAGTTTGTGTAAGATGTGTGTTTCTTAAAGCACTTGCA 3060
Qy 3061 TGTGATGTCTTGTCTATGATTTTGTCTGAAACTTACATTTGCAAGACCATTTTCC 3120
Db 3061 TGTGATGTCTTGTCTATGATTTTGTCTGAAACTTACATTTGCAAGACCATTTTCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTTATAGAAATGAAGAGAGCTTGGGTGTGGGGACAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTTATAGAAATGAAGAGAGCTTGGGTGTGGGGACAC 3180

QY	3181	GGTTGATGTTGTCGCCGTTGTTGGCGCTCTGGGACACTTGTTCGACAGGTTGGCTAT	3240
Db	3181	GGTTGATGTTGTCGCCGTTGTTGGCGCTCTGGGACACTTGTTCGACAGGTTGGCTAT	3240
QY	3241	GGCCGACGATGGGTGGGCATTACCGGACCTTTAACGCTGACGTTCTCTGAAAGTGG	3300
Db	3241	GGCCGACGATGGGTGGGCATTACCGGACCTTTAACGCTGACGTTCTCTGAAAGTGG	3300
QY	3301	CACGCTGCACGATGGGACGTGATCATGACTGATAGACCCCGGAACTTGGACTGGAAC	3360
Db	3301	CACGCTGCACGATGGGACGTGATCATGACTGATAGACCCCGGAACTTGGACTGGAAC	3360
QY	3361	TATCTTCAGATTAGAGATCTCTGGCCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGCAACGTGTT	3420
Db	3361	TATCTTCAGATTAGAGATCTCTGGCCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGCAACGTGTT	3420
QY	3421	GTATATGCTGCATCCATGGCAGCAAGGGGGCGCGGTGGCTCATCCACAGGCTCATATCA	3480
Db	3421	GTATATGCTGCATCCATGGCAGCAAGGGGGCGCGGTGGCTCATCCACAGGCTCATATCA	3480
QY	3481	CCCAATTAACGCTTGAACGCGGCTTAATGACAGAGACATCTATCAACCAACATGTGAGCTGG	3540
Db	3481	CCCAATTAACGCTTGAACGCGGCTTAATGACAGAGACATCTATCAACCAATGTGAGCTGG	3540
QY	3541	GTCCCTTAATCGGTGCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTTAAACGACTGGGCTC	3600
Db	3541	GTCCCTTAATCGGTGCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTTAAACGACTGGGCTC	3600
QY	3601	ATTGGTTAAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGGCGGGGCGCTTCCAT	3660
Db	3601	ATTGGTTAAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGGCGGGGCGCTTCCAT	3660
QY	3661	GGCTTTGTCGAAGGGTCTTTCAGGTCGCCGATCTGTGCTCTCCGCGGACATGTTATTTGG	3720
Db	3661	GGCTTTGTCGAAGGGTCTTTCAGGTCGCCGATCTGTGCTCTCCGCGGACATGTTATTTGG	3720
QY	3721	GATGTTCAACGCTGCTAGAAATTTGCGGGTTCAGTCACTAGATTAGGGTTAGCGCGTT	3780
Db	3721	GATGTTCAACGCTGCTAGAAATTTGCGGGTTCAGTCACTAGATTAGGGTTAGCGCGTT	3780
QY	3781	GGTGTGTCTGGATACCATCCCCAGTACACAGCACATGCCACTCTTGATATACAAACCTAC	3840
Db	3781	GGTGTGTCTGGATACCATCCCCAGTACACAGCACATGCCACTCTTGATATACAAACCTAC	3840
QY	3841	TGTGCTTAACGATTTCACTGATGCAAAATTTTAATTTGCCCCCACTGGACGCGCAAGTCAAC	3900
Db	3841	TGTGCTTAACGATTTCACTGATGCAAAATTTTAATTTGCCCCCACTGGACGCGCAAGTCAAC	3900
QY	3901	CAAAATTACCACTTCTTTCATGACGAGAGATGAGGTCTTGGTCTTAAATCCAGGT	3960
Db	3901	CAAAATTACCACTTCTTTCATGACGAGAGATGAGGTCTTGGTCTTAAATCCAGGT	3960
QY	3961	GGCTTCAACACAGCATTAATGCCAAAGTACATGACGCCACGTACGGCGGTGAATCCAAATTTG	4020
Db	3961	GGCTTCAACACAGCATTAATGCCAAAGTACATGACGCCACGTACGGCGGTGAATCCAAATTTG	4020
QY	4021	CTATTTTATGGCAATGATGACCAACACAGGGGGCTTCACTTACGTAACAGCACATATTTGGCAT	4080
Db	4021	CTATTTTATGGCAATGATGACCAACACAGGGGGCTTCACTTACGTAACAGCACATATTTGGCAT	4080
QY	4081	GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACATATGATGTAATCATTTGTGACGATSCCATGC	4140
Db	4081	GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACATATGATGTAATCATTTGTGACGATSCCATGC	4140
QY	4141	TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGATTTGGAAAGGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAAA	4200
Db	4141	TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGATTTGGAAAGGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAAA	4200
QY	4201	TGTTAGGCTAAGTGTCTTTGACAGGGCTACCCCGCTGAGATTAATCCCTTACACACATGC	4260
Db	4201	TGTTAGGCTAAGTGTCTTTGACAGGGCTACCCCGCTGAGATTAATCCCTTACACACATGC	4260
QY	4261	CACACTAATCTGAGATTCAATTAACCGATGAAGGACTATCCCTCTTTCATGAAAAAAGAT	4320

Db	4261	CAACATACTGAGATTCAATTAACTGAGTGAAGCACTATCCCTTTCAATGGAATAAAGAT	4320
Oy	4331	TAAGAGGAAAATGTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACA	4380
Db	4331	TAAGAGGAAAATGTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACA	4380
Oy	4381	TGATGAGCTTCTAACGAGTTAGCTCGAAAAGGAATAACAGCTGTCTTACTATAGG	4440
Db	4381	TGATGAGCTTCTAACGAGTTAGCTCGAAAAGGAATAACAGCTGTCTTACTATAGG	4440
Oy	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGTGTGTGTTCACATGACCTGTG	4500
Db	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGTGTGTGTTCACATGACCTGTG	4500
Oy	4501	TACAGGGGATCACTGGTGACTTTGATTCGGTGTATGACTGACGCTCAATGTAGAGG	4560
Db	4501	TACAGGGGATCACTGGTGACTTTGATTCGGTGTATGACTGACGCTCAATGTAGAGG	4560
Oy	4561	ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCATGAGGAGTGTGTGTGTGTGCGGGTTTCA	4620
Db	4561	ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACCATGAGGAGTGTGTGTGTGTGCGGGTTTCA	4620
Oy	4621	AATAGTTAAAGCCAGCGGTAGGGGCCGACAGCGCGGTGGAGAGCTGGCAATATCTA	4680
Db	4621	AATAGTTAAAGCCAGCGGTAGGGGCCGACAGCGCGGTGGAGAGCTGGCAATATCTA	4680
Oy	4681	TGTAGACGGGAGTTGTATCCCTTGGGGTATGTTCTCGAATGCAACATTTGTTGAAG	4740
Db	4681	TGTAGACGGGAGTTGTATCCCTTGGGGTATGTTCTCGAATGCAACATTTGTTGAAG	4740
Oy	4741	CGAGCAGACCCAGGCAATGATATGTTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGGA	4800
Db	4741	CGAGCAGACCCAGGCAATGATATGTTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGGA	4800
Oy	4801	CTATGACACCCAACTGGGTTA	4860
Db	4801	CTATGACACCCAACTGGGTTA	4860
Oy	4861	CTTTTCTATGTGCAACCCCGAAACCTTCAATTTGTCAATACTGCAAAAAGAACTG	4920
Db	4861	CTTTTCTATGTGCAACCCCGAAACCTTCAATTTGTCAATACTGCAAAAAGAACTG	4920
Oy	4921	TTATGTTTGTGTGACTGAGGCCCACTAACA	4980
Db	4921	TTATGTTTGTGTGACTGAGGCCCACTAACA	4980
Oy	4981	CAATGACGCAACGCGTGGCAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAACCTTGTGGGCTTCTG	5040
Db	4981	CAATGACGCAACGCGTGGCAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAACCTTGTGGGCTTCTG	5040
Oy	5041	GCGCTTGAACGCGCGTGA	5100
Db	5041	GCGCTTGAACGCGCGTGA	5100
Oy	5101	AATGCTCTTCACTGAAGTCAATTA	5160
Db	5101	AATGCTCTTCACTGAAGTCAATTA	5160
Oy	5161	GCGTATGCGCTTATCTAGC	5220
Db	5161	GCGTATGCGCTTATCTAGC	5220
Oy	5221	TATTCGATCAAGTCCCTACCGG	5280
Db	5221	TATTCGATCAAGTCCCTACCGG	5280
Oy	5281	GGAAGAGTGTGATCATTCATTC	5340
Db	5281	GGAAGAGTGTGATCATTCATTC	5340
Oy	5341	GAGTCAATCAACCAACTAGTCTTTCA	5400
Db	5341	GAGTCAATCAACCAACTAGTCTTTCA	5400

Db 5341 GAGTACAAATTAACCACTAGTCTTTGACATTTGAAACCGCCCTTGAAAACTTAAAC 5400
Qy 5401 CTTTCTGGGCTCATGAGCTACATCTTGTATCATAGATATGCTGGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTGGGCTCATGAGCTACATCTTGTATCATAGATATGCTGGTTAGT 5460
Qy 5461 CACTTACCTGACATCCCTTTGACATGCGTGTGCTTCAATTCGGGTATTAAGT 5520
Db 5461 CACTTACCTGACATCCCTTTGACATGCGTGTGCTTCAATTCGGGTATTAAGT 5520
Qy 5521 CCCATCTCTCAAGATCAAAATGTCCTGATATTTGAGGCGCAATTCGGTCAA 5580
Db 5521 CCCATCTCTCAAGATCAAAATGTCCTGATATTTGAGGCGCAATTCGGTCAA 5580
Qy 5581 GCTTACAGACGCTAGAGCGGACGCTGCGTTCATGATGCGCGGCTGCGGAAAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGCTAGAGCGGACGCTGCGTTCATGATGCGCGGCTGCGGAAAGCTCT 5640
Qy 5641 TGGTACATGACATCGTGGGTTTGTCTTGAACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
Db 5641 TGGTACATGACATCGTGGGTTTGTCTTGAACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
Qy 5701 ATCCATGCTCTGCTTGAATTAATGCTGATGCGTGAAGTGGCCATATGATCAAGT 5760
Db 5701 ATCCATGCTCTGCTTGAATTAATGCTGATGCGTGAAGTGGCCATATGATCAAGT 5760
Qy 5761 TGCTGGTTAGTCTACCTCGGCTCAATCCGCGCAGAGATGTTGGCGTCTTGTGACG 5820
Db 5761 TGCTGGTTAGTCTACCTCGGCTCAATCCGCGCAGAGATGTTGGCGTCTTGTGACG 5820
Qy 5821 TTGTGCAATGTTTGTGTAACACGAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Db 5821 TTGTGCAATGTTTGTGTAACACGAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
Qy 5881 TATGCTTCTAGAGACACATCTGATGTAATGAGTACTTATGTCATCTGATACGCG 5940
Db 5881 TATGCTTCTAGAGACACATCTGATGTAATGAGTACTTATGTCATCTGATACGCG 5940
Qy 5941 CAGAAAGATCTGGGCTTCTGAGAGCATCTACCCCTGAGATGATCATGAGCTTGAT 6000
Db 5941 CAGAAAGATCTGGGCTTCTGAGAGCATCTACCCCTGAGATGATCATGAGCTTGAT 6000
Qy 6001 CCGTGGCTCAACACCCGAGAGATGATGCGGCTCATGCTGGGCTTGAAGAT 6060
Db 6001 CCGTGGCTCAACACCCGAGAGATGATGCGGCTCATGCTGGGCTTGAAGAT 6060
Qy 6061 TTGGCAGTATGTCGAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCAGTATGTCGAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Qy 6121 GAGCATGTTAACTCTGCTGTCCTTCTGACGTCGCAAGAGGGGTACAGGGGCC 6180
Db 6121 GAGCATGTTAACTCTGCTGTCCTTCTGACGTCGCAAGAGGGGTACAGGGGCC 6180
Qy 6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTCAAGACGCTGTCATGCGTGTGTAATCATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTCAAGACGCTGTCATGCGTGTGTAATCATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTACAAAGAACCCAGAACTGTTCAAAATTAAGT 6300
Db 6241 TGTGAGATGTTTGGCAAACTTACAAAGAACCCAGAACTGTTCAAAATTAAGT 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTCAGTCAACGCTAGGCTGTGGGCTGAGACCGGACCCAACTGATG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTCAGTCAACGCTAGGCTGTGGGCTGAGACCGGACCCAACTGATG 6360
Qy 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGCGTTAGGGACTACTGTAATTAATGAGAAATGGGGA 6420
Db 6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGCGTTAGGGACTACTGTAATTAATGAGAAATGGGGA 6420
Qy 6421 TCACATTTTGTGAAGACGATCTCTCAAAATGTCGTTTACCCAGGTCGCCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTGAAGACGATCTCTCAAAATGTCGTTTACCCAGGTCGCCCAAC 6480

Qy 6481 CTTGAGACTGACATGCGCGGTGACGCGGTACAGGTTCACTGTTATCTAGTGAAGCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGACTGACATGCGCGGTGACGCGGTACAGGTTCACTGTTATCTAGTGAAGCCAA 6540
Qy 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGCTGTATAGGTCCTGACGCTAAGGTTAACTGTTAA 6600
Db 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGCTGTATAGGTCCTGACGCTAAGGTTAACTGTTAA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCGCGCTGACGCTGACACAGCTGCTGTCGACATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCGCGCTGACGCTGACACAGCTGCTGTCGACATGCACTTAATTTGCGTGA 6660
Qy 6661 TGCATTTGAGCAAAATGACTGTAAATTCACAAACAATCTCTAGATGAAGCCGAGT 6720
Db 6661 TGCATTTGAGCAAAATGACTGTAAATTCATTAACAAACCTCTAGATGAAGCCGAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGTGGCGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGTGGCGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTC 6780
Qy 6781 AGCTGGGCTTGAACACCAACAGCTGCGGCTTACCTGCTGCTCCCTCGAGATCCGTC 6840
Db 6781 AGCTGGGCTTGAACACCAACAGCTGCGGCTTACCTGCTGCTCCCTCGAGATCCGTC 6840
Qy 6841 GCGGCAATTCGCGGCAAGAACTGGTTCCTTACCTTGCCTCCCTCGAGATCCGTC 6900
Db 6841 GCGGCAATTCGCGGCAAGAACTGGTTCCTTACCTTGCCTCCCTCGAGATCCGTC 6900
Qy 6901 AGAGTGTCAATGCTCTGTAAGAGCTGCAACGAGTGAACCCGTTAAGAGTCTTCAAACT 6960
Db 6901 AGAGTGTCAATGCTCTGTAAGAGCTGCAACGAGTGAACCCGTTAAGAGTCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCCCTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCGATGCGCTGTTGGAGCGGGA 7020
Db 6961 CCCCTCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCGATGCGCTGTTGGAGCGGGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTCTTTCACCTGCAATTTGATGTCATGACGAAACAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTTCACCTGCAATTTGATGTCATGACGAAACAGCGGAGGCGCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTAACCAATTAACCTTCCCAAAAGAGGTCCTGATGTCACGAAAGTGGTGCAG 7140
Db 7081 TTTAACCAATTAACCTTCCCAAAAGAGGTCCTGATGTCACGAAAGTGGTGCAG 7140
Qy 7141 GGCCTAACAGGTTTCAAGCTACGTTACGTCGCGCCCGATACCTTAAGATCAGGGAAAGA 7200
Db 7141 GGCCTAACAGGTTTCAAGCTACGTTACGTCGCGCCCGATACCTTAAGATCAGGGAAAGA 7200
Qy 7201 TTCCACTCAGTCAGCCCCCGCAAAACGCTTACAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Db 7201 TTCCACTCAGTCAGCCCCCGCAAAACGCTTACAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Qy 7261 TTGCTGACATGAGCTTACCTGAGCCGACGATGATTAAGTCAAACTGCTTCAAACT 7320
Db 7261 TTGCTGACATGAGCTTACCTGAGCCGACGATGATTAAGTCAAACTGCTTCAAACT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTGCGGCTCACTAGTGTCTTCTCAAAACAAAGATATGTTGATG 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTGCGGCTCACTAGTGTCTTCTCAAAACAAAGATATGTTGATG 7380
Qy 7381 GACTGAGCCGCGGATCGGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCCGCGGATCGGAGCTTGAAGAAACAAAGTCACTTAATTAAGCAACCTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATACACAAAGAGTGAATGGCTTAAGGAAAGTTGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATCATACACAAAGAGTGAATGGCTTAAGGAAAGTTGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 GGTCCCCCATCATACACAAAGAGTGAATGGCTTAAGGAAAGTTGCTTCAAAAGTTGT 7560
Db 7501 GGTCCCCCATCATACACAAAGAGTGAATGGCTTAAGGAAAGTTGCTTCAAAAGTTGT 7560

QY 7561 CCAATCACTGACCTTCCGAGGCACTGATGTTGTTCTGAGACGACCCCGAAGGCTGTTCT 7620
 DB 7561 CCAATCACTGACCTTCCGAGGCACTGATGTTGTTCTGAGACGACCCCGAAGGCTGTTCT 7620
 QY 7621 GGACTTGCAGAGTGTGTCAGAGGTCAGATACCGAGTCATTATCCGCAAACTGTGAT 7680
 DB 7621 GGACTTGCAGAGTGTGTCAGAGGTCAGATACCGAGTCATTATCCGCAAACTGTGAT 7680
 QY 7681 AGTTCGAAAGAGAGGTCCTGTCGTAAGACCCCGAAGAACCAAGAAACCCCGAAG 7740
 DB 7681 AGTTCGAAAGAGAGGTCCTGTCGTAAGACCCCGAAGAACCAAGAAACCCCGAAG 7740
 QY 7741 GCTTATCTGTATACCCCACTTGAATGAGATGTTGTAAGAGATGTAACGATGTCAGGT 7800
 DB 7741 GCTTATCTGTATACCCCACTTGAATGAGATGTTGTAAGAGATGTAACGATGTCAGGT 7800
 QY 7801 TGCCTCGACGTAAGTAAAGCTGTCAATGAGAGATGTCAGGAGTTTGTATGATCCAGTAC 7860
 DB 7801 TGCCTCGACGTAAGTAAAGCTGTCAATGAGAGATGTCAGGAGTTTGTATGATCCAGTAC 7860
 QY 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTCGATGTCATCCCGATGTCGAGCCCAATGCGATAC 7920
 DB 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTCGATGTCATCCCGATGTCGAGCCCAATGCGATAC 7920
 QY 7921 AGTGTGTTTGAACATGATACATACACCGAGATATCATGTGAGAGACGATCTACTC 7980
 DB 7921 AGTGTGTTTGAACATGATACATACACCGAGATATCATGTGAGAGACGATCTACTC 7980
 QY 7981 AACAGTAATCAAGTACCAACACCGAGCTGCAATCAACATTTGCGAGGCAATTA 8040
 DB 7981 AACAGTAATCAAGTACCAACACCGAGCTGCAATCAACATTTGCGAGGCAATTA 8040
 QY 8041 CCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGATGCGATATCATGTGATGATC 8100
 DB 8041 CCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGATGCGATATCATGTGATGATC 8100
 QY 8101 TTCCGCGCTCTACTACTCTCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGCTGCTGAAGTAAATC 8160
 DB 8101 TTCCGCGCTCTACTACTCTCAAGTTTCAACAGTTTGAACCTGCTGCTGAAGTAAATC 8160
 QY 8161 TGCAGCGCAACAGGCTGAGATGAGAACCCCTGCTCTTATTTGCGAGATGATGAC 8220
 DB 8161 TGCAGCGCAACAGGCTGAGATGAGAACCCCTGCTCTTATTTGCGAGATGATGAC 8220
 QY 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGGAGCAGATGCAACAAGCAAGATGCTGCTTCTGCTAG 8280
 DB 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGGAGCAGATGCAACAAGCAAGATGCTGCTTCTGCTAG 8280
 QY 8281 CTGAGATGAAGTGTGTCACCAACAAGTTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
 DB 8281 CTGAGATGAAGTGTGTCACCAACAAGTTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
 QY 8341 AGAATTAATCATGTCATCAATGTAATCTGTAATTAACCAAAAGGCGAAGCTTA 8400
 DB 8341 AGAATTAATCATGTCATCAATGTAATCTGTAATTAACCAAAAGGCGAAGCTTA 8400
 QY 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGATCCCTTGGCAGAGTGTCTGCGAGGCTGAG 8460
 DB 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCTCTGATCCCTTGGCAGAGTGTCTGCGAGGCTGAG 8460
 QY 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGATGAGTTGGATCTAATCAATCACTACCTATGTTGGGT 8520
 DB 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGATGAGTTGGATCTAATCAATCACTACCTATGTTGGGT 8520
 QY 8521 TAGCCGCTGTGCTGCTGATCTCATTTCAATGAGAGAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCGA 8580
 DB 8521 TAGCCGCTGTGCTGCTGATCTCATTTCAATGAGAGAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCGA 8580
 QY 8581 GACGCTGACCTTGAATGATGAGAAATTAATACGATGCTGTGAAGATGTCGCGAG 8640
 DB 8581 GACGCTGACCTTGAATGATGAGAAATTAATACGATGCTGTGAAGATGTCGCGAG 8640
 QY 8641 CATCATTTGCTGTGTCACGATATTGAGGCTTTCTCGGTGCTGCTACCAACGCTGA 8700

DB 8641 CATCATTTGCTGTGTCACGATATTGAGGCTTTCTCGGTGCTGCTACCAACGCTGA 8700
 QY 8701 GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGCCCCCTGCGAGCTGAG 8760
 DB 8701 GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGCCCCCTGCGAGCTGAG 8760
 QY 8761 AAAGAAACCCAGGCGGTCTGCGAGCGCCCAAGAGGCTGCGAGACACGCAAAAT 8820
 DB 8761 AAAGAAACCCAGGCGGTCTGCGAGCGCCCAAGAGGCTGCGAGACACGCAAAAT 8820
 QY 8821 GGCCTGCTTCCCTGTCGAGATGCTACATCTGACCTCAACGATTTGATTAAGACGAG 8880
 DB 8821 GGCCTGCTTCCCTGTCGAGATGCTACATCTGACCTCAACGATTTGATTAAGACGAG 8880
 QY 8881 CGTGTGCTGATACCACTTCAATTAATGATGATTTAATCCCGAGAGGAGATGTT 8940
 DB 8881 CGTGTGCTGATACCACTTCAATTAATGATGATTTAATCCCGAGAGGAGATGTT 8940
 QY 8941 TATTACACACAGAGAAATTTGACAGATTTTGTGAAGTATTTGGCTGTATGTTT 9000
 DB 8941 TATTACACACAGAGAAATTTGACAGATTTTGTGAAGTATTTGGCTGTATGTTT 9000
 QY 9001 TGCCCTAAGGCTCATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
 DB 9001 TGCCCTAAGGCTCATTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 9060
 QY 9061 CTACAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGGCAAGGAGAGCCCC 9116
 DB 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGGCAAGGAGAGCCCC 9120
 QY 9117 GGGCTTAAAGACCCCGC 9133
 DB 9121 GGGCTTAAAGACCCCGC 9137
 RESULT 8
 AAAS5379
 ID AAAS5379 standard; DNA; 9143 BP.
 XX
 AC AAAS5379;
 XX
 DT 06-AUG-2003 (revised)
 DT 30-AUG-2000 (first entry)
 XX
 DE Hepatitis GB virus nucleotide sequence SEQ ID NO:393.
 XX
 KW Hepatitis GB virus; HGBV; diagnosis; therapeutic; immunogenic; infection;
 KW detection; characterisation; hepatitis; ds.
 OS Hepatitis GB virus.
 XX
 PN US6051374-A.
 XX
 PD 18-APR-2000.
 XX
 PF 07-JUN-1995; 95US-00488445.
 XX
 PR 14-FEB-1994; 94US-00196030.
 PR 13-MAY-1994; 94US-00242654.
 PR 29-JUL-1994; 94US-00283314.
 PR 23-NOV-1994; 94US-00344185.
 PR 23-NOV-1994; 94US-00344190.
 PR 30-JAN-1995; 95US-00377557.
 XX
 PA (ABBO) ABBOTT LAB.
 XX
 PI Dawson GU, Leary TP, Muerhoff AS, Pilot-Matias TJ, Builk SL;
 PI Mushahwar IK, Simons JN, Desai SM, Erker JC, Schlauder GG;
 XX
 DR WPI; 2000-338307/29.
 XX
 PT Detecting target hepatitis GB virus nucleic acid in a test sample

PT suspected of containing HBV comprises reacting the test sample the HBV
PT polynucleotide probe and detecting the complex that contains target HBV.
PS Example 9; Col 419-438; 369pp; English.

CC The present invention describe a method for detecting target hepatitis GB
CC virus (HBV) nucleic acid (THN) in a test sample (T) suspected of
CC containing HBV. The method involves reacting (T) with a HBV
CC polynucleotide probe (I) containing 15 contiguous nucleotides, and which
CC selectively hybridises to the HBV genome or its full complement, and
CC detecting the complex that contains THN, indicating the presence of
CC target HBV. The method is used for detecting target HBV nucleic acid in
CC the test sample suspected of containing HBV and for characterisation of
CC newly ascertained etiological agent of non-A, non-B, non-C, non-D and non
CC -E hepatitis causing agents collectively termed as hepatitis GB virus.
CC AA55270 to AA55489 and AAB08985 to AAB09480 represent nucleotide and
CC protein sequences used in the exemplification of the present invention.
CC (Updated on 06-AUG-2003 to correct OS field.)

XX Sequence 9143 BP; 2071 A; 2266 C; 2349 G; 2457 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;

Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

QY 1 ACCACAAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTAGGAATCTCTGGACACCCCTCTAG 60
DB 1 ACCACAAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTAGGAATCTCTGGACACCCCTCTAG 60
QY 61 CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCCCTGCTGCAAGAGGTGAGCCAACTTATAT 120
DB 61 CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCCCTGCTGCAAGAGGTGAGCCAACTTATAT 120
QY 61 CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCCCTGCTGCAAGAGGTGAGCCAACTTATAT 120
DB 61 CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCCCTGCTGCAAGAGGTGAGCCAACTTATAT 120
QY 121 GTAGCGCGGGGACTCATGAGCTCGCGTGAAGCAAGCGCAAGCTTGAATGAGC 180
DB 121 GTAGCGCGGGGACTCATGAGCTCGCGTGAAGCAAGCGCAAGCTTGAATGAGC 180
QY 181 CCTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCGTGTGTGCGCTTTAGGACGCTCCAGCCCA 240
DB 181 CCTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCGTGTGTGCGCTTTAGGACGCTCCAGCCCA 240
QY 241 CCTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCGTGTGTGCGCTTTAGGACGCTCCAGCCCA 300
DB 241 CCTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCGTGTGTGCGCTTTAGGACGCTCCAGCCCA 300
QY 241 CCTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCGTGTGTGCGCTTTAGGACGCTCCAGCCCA 300
DB 241 CCTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCGTGTGTGCGCTTTAGGACGCTCCAGCCCA 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTGATCAAGCGCTCCGGAAGTATGAGGCAAGCCCACTATATGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGTGATCAAGCGCTCCGGAAGTATGAGGCAAGCCCACTATATGT 360
QY 361 TGGGATGTTGGGTTTACCATCACTACCTGATGAGGTTCTTTCGAGGAGAT 420
DB 361 TGGGATGTTGGGTTTACCATCACTACCTGATGAGGTTCTTTCGAGGAGAT 420
QY 421 CTGGAGTCTGCTAGACCGGTAGACATGCTGTATTTCTACTCAAAAGTCTGTACC 480
DB 421 CTGGAGTCTGCTAGACCGGTAGACATGCTGTATTTCTACTCAAAAGTCTGTACC 480
QY 481 TGGCGCCGAAACGCGCAAGAACAGCAAGACGAGCTTCATATCTGTGTCATTTAAAC 540
DB 481 TGGCGCCGAAACGCGCAAGAACAGCAAGACGAGCTTCATATCTGTGTCATTTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTAAAGGGGCAACAGCAAGCAAGCAAGTCCAGGCGCATGTCGGGCTCGTAA 600
DB 541 ATCTGTTAAAGGGGCAACAGCAAGCAAGCAAGTCCAGGCGCATGTCGGGCTCGTAA 600
QY 601 TTACAAATTTGCTGATCATGATGCTTGCAGACATTTGCTCAGGCTGTTTCCAGC 660
DB 601 TTACAAATTTGCTGATCATGATGCTTGCAGACATTTGCTCAGGCTGTTTCCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGCGCCAAAGACCTTCGCAATAGTCTTGCATCTTGGAAATCTTCTGA 720
DB 661 TCATGTTGGGAGCGCCAAAGACCTTCGCAATAGTCTTGCATCTTGGAAATCTTCTGA 720

QY 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGTATGTTATCACTCCACACCTCTAGAGCCCGCTGAT 780
DB 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGTATGTTATCACTCCACACCTCTAGAGCCCGCTGAT 780
QY 781 GGCAGAGCGGCTGCTTGCACCAAGTCTGCACATATGATGCTTGGAGAGTATGATCA 840
DB 781 GGCAGAGCGGCTGCTTGCACCAAGTCTGCACATATGATGCTTGGAGAGTATGATCA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTTGTTGCTGCTGCTCAACCTTTTGTGTATGCTGCTATCTTGGCTG 900
DB 841 CTGGGCTACTGTTGTTGCTGCTGCTCAACCTTTTGTGTATGCTGCTATCTTGGCTG 900
QY 901 TCCTGTATGTTGGGCGGGGCTACTGACCAACCAATCCATCTGACCAATTTG 960
DB 901 TCCTGTATGTTGGGCGGGGCTACTGACCAACCAATCCATCTGACCAATTTG 960
QY 961 CTGCGAGGTATAGGTTATCTATGTTCTTCCCTTCCCTGACCAAGGCTGTTG 1020
DB 961 CTGCGAGGTATAGGTTATCTATGTTCTTCCCTTCCCTGACCAAGGCTGTTG 1020
QY 1021 TGTATCTGTTGCGGACAGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTACATCTCACACCTTCCAA 1080
DB 1021 TGTATCTGCGCGGACAGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTACATCTCACACCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGACCTGACCGGACTCTCTTCTTGGCTGACCAATGATTTGTTATGAGGCGCTTGT 1140
DB 1081 TTGACCTGACCGGACTCTCTTCTTGGCTGACCAATGATTTGTTATGAGGCGCTTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGACGCGCTTGTACATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1200
DB 1141 GACCTGTGACGCGCTTGTACATGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1200
QY 1201 GCTTGTGACGCACTGCTTATTTCAATAGACCTCAATGAACTGTTGTTGTTGTTGTTG 1260
DB 1201 GCTTGTGACGCACTGCTTATTTCAATAGACCTCAATGAACTGTTGTTGTTGTTGTTG 1260
QY 1261 AGTCCCACTGGAATAGATCTGAGGTTCTTGAAGGTTATCGAGTATGAGCGGCAAGT 1320
DB 1261 AGTCCCACTGGAATAGATCTGAGGTTCTTGAAGGTTATCGAGTATGAGCGGCAAGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTCTCTTTTACCAAACTGCTTACCAAGTACCATATGCTTATGCTGAT 1380
DB 1321 CGAGGCTGTCTCTTTTACCAAACTGCTTACCAAGTACCATATGCTTATGCTGAT 1380
QY 1381 GTTATAGAGTATCACTACCTGAGGTTGAGGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGGCA 1440
DB 1381 GTTATAGAGTATCACTACCTGAGGTTGAGGCTCTGATCTACTATGCTCTCTCGGGGCA 1440
QY 1441 GTGATATCAGTGTCTCTAGCGCTTATGCTTATCATAGAACGACCTCTGAAACCTTAT 1500
DB 1441 GTGATATCAGTGTCTCTAGCGCTTATGCTTATCATAGAACGACCTCTGAAACCTTAT 1500
QY 1501 CAGGCTGTCTCTTCTTACCAAACTGCTTACCAAGTACCATATGCTTATGCTGAT 1560
DB 1501 CAGGCTGTCTCTTCTTACCAAACTGCTTACCAAGTACCATATGCTTATGCTGAT 1560
QY 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAATGTTGCAAGTCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGAAC 1620
DB 1561 TTGCACTCTTATTTGAGTGAATGTTGCAAGTCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGAAC 1620
QY 1621 CAGGCTATCACTCTAGATTAACAACCTCATATCTTGTATACCTTATACATCTCTG 1680
DB 1621 CAGGCTATCACTCTAGATTAACAACCTCATATCTTGTATACCTTATACATCTCTG 1680
QY 1681 TGGAGGGGATGATGTTTAAATTAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1740
DB 1681 TGGAGGGGATGATGTTTAAATTAACAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1740
QY 1741 TGTGCACTGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1800
DB 1741 TGTGCACTGATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1800
QY 1801 CGAAGTATGCGGTATACACCATGCTTACCAACGCAATGCAACGCGCTCAGCCCTGAA 1860

Db 1801 ||||| 1860
 Qy 1861 ||||| 1920
 Db 1861 ||||| 1920
 Qy 1921 ||||| 1980
 Db 1921 ||||| 1980
 Qy 1981 ||||| 2040
 Db 1981 ||||| 2040
 Qy 2041 ||||| 2100
 Db 2041 ||||| 2100
 Qy 2101 ||||| 2160
 Db 2101 ||||| 2160
 Qy 2161 ||||| 2220
 Db 2161 ||||| 2220
 Qy 2221 ||||| 2280
 Db 2221 ||||| 2280
 Qy 2281 ||||| 2340
 Db 2281 ||||| 2340
 Qy 2341 ||||| 2400
 Db 2341 ||||| 2400
 Qy 2401 ||||| 2460
 Db 2401 ||||| 2460
 Qy 2461 ||||| 2520
 Db 2461 ||||| 2520
 Qy 2521 ||||| 2580
 Db 2521 ||||| 2580
 Qy 2581 ||||| 2640
 Db 2581 ||||| 2640
 Qy 2641 ||||| 2700
 Db 2641 ||||| 2700
 Qy 2701 ||||| 2760
 Db 2701 ||||| 2760
 Qy 2761 ||||| 2820
 Db 2761 ||||| 2820
 Qy 2821 ||||| 2880
 Db 2821 ||||| 2880
 Qy 2881 ||||| 2940

Db 2881 ||||| 2940
 Qy 2941 ||||| 3000
 Db 2941 ||||| 3000
 Qy 3001 ||||| 3060
 Db 3001 ||||| 3060
 Qy 3061 ||||| 3120
 Db 3061 ||||| 3120
 Qy 3121 ||||| 3180
 Db 3121 ||||| 3180
 Qy 3181 ||||| 3240
 Db 3181 ||||| 3240
 Qy 3241 ||||| 3300
 Db 3241 ||||| 3300
 Qy 3301 ||||| 3360
 Db 3301 ||||| 3360
 Qy 3361 ||||| 3420
 Db 3361 ||||| 3420
 Qy 3421 ||||| 3480
 Db 3421 ||||| 3480
 Qy 3481 ||||| 3540
 Db 3481 ||||| 3540
 Qy 3541 ||||| 3600
 Db 3541 ||||| 3600
 Qy 3601 ||||| 3660
 Db 3601 ||||| 3660
 Qy 3661 ||||| 3720
 Db 3661 ||||| 3720
 Qy 3721 ||||| 3780
 Db 3721 ||||| 3780
 Qy 3781 ||||| 3840
 Db 3781 ||||| 3840
 Qy 3841 ||||| 3900
 Db 3841 ||||| 3900
 Qy 3901 ||||| 3960
 Db 3901 ||||| 3960
 Qy 3961 ||||| 4020
 Db 3961 ||||| 4020

OY 4021 CTATTTTAATGCGAAATGTACCAACAGGGGCTTCACTTAGTACAGACATATGGCAT 4080
DB 4021 CTAATTTAATGCGAAATGTACCAACAGGGGCTTCACTTAGTACAGACATATGGCAT 4080
OY 4081 GTACCTGACCGGAGATGTCCCGGAACTATGATCTATTCATTTGTGACGAATGCGATGC 4140
DB 4081 GTACCTGACCGGAGATGTCCCGGAACTATGATCTATTCATTTGTGACGAATGCGATGC 4140
OY 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATGGAAGGCTCTTAACCGAAGCTCATCCAAAA 4200
DB 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATGGAAGGCTCTTAACCGAAGCTCATCCAAAA 4200
OY 4201 TGTAGGCTAGTGTCTTTCGACGCGCTAACCCCTGAGATATCCCTAACCAACATGC 4260
DB 4201 TGTAGGCTAGTGTCTTTCGACGCGCTAACCCCTGAGATATCCCTAACCAACATGC 4260
OY 4261 CAACCTAATGATGATTCATTAACCGATGGAAGGCACTATCCCTTTCATGGAAGAAATAT 4320
DB 4261 CAACCTAATGATGATTCATTAACCGATGGAAGGCACTATCCCTTTCATGGAAGAAATAT 4320
OY 4321 TAAGGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTATCTTTGAGGCTACCAAAAACTAG 4380
DB 4321 TAAGGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTATCTTTGAGGCTACCAAAAACTAG 4380
OY 4381 TGATGAGCTTGTCTAACGATTAAGCTGAAAGGAAATTAACGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
DB 4381 TGATGAGCTTGTCTAACGATTAAGCTGAAAGGAAATTAACGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
OY 4441 ATGTGACATCTTAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTGCACTGATCCCTGTG 4500
DB 4441 ATGTGACATCTTAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTGCACTGATCCCTGTG 4500
OY 4501 TACAGGGTACACTGTGTGATTCCTGTATAGTACGACGCTCATGTGAGAGGGAC 4560
DB 4501 TACAGGGTACACTGTGTGATTCCTGTATAGTACGACGCTCATGTGAGAGGGAC 4560
OY 4561 ATGCATGTGACCTTGAACCTTACTTTTACCAATGAGGTGTGATGAGGAGGCTTACG 4620
DB 4561 ATGCATGTGACCTTGAACCTTACTTTTACCAATGAGGTGTGATGAGGAGGCTTACG 4620
OY 4621 AATAGTTAAAGGCGAGCGTGAAGGGCGCAACGCGCTGGAGAGCTGGCATATACTTA 4680
DB 4621 AATAGTTAAAGGCGAGCGTGAAGGGCGCAACGCGCTGGAGAGCTGGCATATACTTA 4680
OY 4681 TGTAGACGGAGTTGACCCCTGGGATGAGTTGCTGATGCAATGTTGAAGCCTT 4740
DB 4681 TGTAGACGGAGTTGACCCCTGGGATGAGTTGCTGATGCAATGTTGAAGCCTT 4740
OY 4741 CGACGACGCAAGGCGATGATGTTGTATCAACAGAACTCAAACTATCTGAGAC 4800
DB 4741 CGACGACGCAAGGCGATGATGTTGTATCAACAGAACTCAAACTATCTGAGAC 4800
OY 4801 CTATGCAACCCAACTGGGTTACTGCGAATGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
DB 4801 CTATGCAACCCAACTGGGTTACTGCGAATGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
OY 4861 CTTTCTATGTCACCCCGAACTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
DB 4861 CTTTCTATGTCACCCCGAACTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
OY 4921 TTATGTTTGTGACTGAGCCCACTACACTGTGTATCATCATGATGCTATGCTGCC 4980
DB 4921 TTATGTTTGTGACTGAGCCCACTACACTGTGTATCATCATGATGCTATGCTGCC 4980
OY 4981 CAATGACGCAACGAGTGGAGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACTTGTGGGTTCTGTG 5040
DB 4981 CAATGACGCAACGAGTGGAGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACTTGTGGGTTCTGTG 5040
OY 5041 GGGCTTTGACCGGCGTGAACGCTGTCTGTGGCCCAAGAGGCGGAGGTGACCAATATCA 5100
DB 5041 GGGCTTTGACCGGCGTGAACGCTGTCTGTGGCCCAAGAGGCGGAGGTGACCAATATCA 5100

OY 5101 AATGCTCTTCACTGAAGTCAATACTTCTGGGACAGCGGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
DB 5101 AATGCTCTTCACTGAAGTCAATACTTCTGGGACAGCGGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
OY 5161 GGTATGGCTTATGTAGCATGACCTTTTGGGGCACTTGTGGGGCGGCTGTGGTGC 5220
DB 5161 GGTATGGCTTATGTAGCATGACCTTTTGGGGCACTTGTGGGGCGGCTGTGGTGC 5220
OY 5221 TATTCATCACTGCTTCACTCGGTGTACTGTGCGCCCACTGTGTTGACGAAGAAATGCT 5280
DB 5221 TATTCATCACTGCTTCACTCGGTGTACTGTGCGCCCACTGTGTTGACGAAGAAATGCT 5280
OY 5281 GGAGAGTGTGATCATTCATTCCTCTGGAGGCCATGTTGCTGCAATCATAGCTGAA 5340
DB 5281 GGAGAGTGTGATCATTCATTCCTCTGGAGGCCATGTTGCTGCAATCATAGCTGAA 5340
OY 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCCCTTTCATGTTGAAACCGGCTTGAAGAACTTAACAC 5400
DB 5341 GAGTACATCAACCAACTAGTCCCTTTCATGTTGAAACCGGCTTGAAGAACTTAACAC 5400
OY 5401 CTTTCTTGGGCTCATGAGCTACCAATCCTTGTATCATATAGATATGCTGTGTTAGT 5460
DB 5401 CTTTCTTGGGCTCATGAGCTACCAATCCTTGTATCATATAGATATGCTGTGTTAGT 5460
OY 5461 CACTTTAATGCAATCCCTTTCATGATGAGCTGTGTTGCTTCAATGCGGATTAATAC 5520
DB 5461 CACTTTAATGCAATCCCTTTCATGATGAGCTGTGTTGCTTCAATGCGGATTAATAC 5520
OY 5521 CCGCACTACCTCAGAAATGCAAAATGCTCTGCTCAATTTGAGGCGGCAATTCGCTCAA 5580
DB 5521 CCGCACTACCTCAGAAATGCAAAATGCTCTGCTCAATTTGAGGCGGCAATTCGCTCAA 5580
OY 5581 GCTTACAGACGCTGAGAGGCGCACTGCGCTCATATGAGCGGCGTGGGAAACAGCTCT 5640
DB 5581 GCTTACAGACGCTGAGAGGCGCACTGCGCTCATATGAGCGGCGTGGGAAACAGCTCT 5640
OY 5641 TGTATCATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGAATGCTAGACGCGGCTATGCTGCCGCTC 5700
DB 5641 TGTATCATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGAATGCTAGACGCGGCTATGCTGCCGCTC 5700
OY 5701 ATCCACGCTTGTCTTGAATTTAATGCTTGAATGAGTGGGCGCACTATGAGTACCT 5760
DB 5701 ATCCACGCTTGTCTTGAATTTAATGCTTGAATGAGTGGGCGCACTATGAGTACCT 5760
OY 5761 TGCTGTTTGTGCTACTCCGCTTCAATCCGCGCGAGAGTGTGGGCTTGTGACG 5820
DB 5761 TGCTGTTTGTGCTACTCCGCTTCAATCCGCGCGAGAGTGTGGGCTTGTGACG 5820
OY 5821 TTGTGCAATGTTTCTTTGACACAGGCGCAAGTCACTGCGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
DB 5821 TTGTGCAATGTTTCTTTGACACAGGCGCAAGTCACTGCGCCCAACAGACTTCTTAC 5880
OY 5881 TATGCTTGTGATGAGCAACACTGTATGTAATGATATCTTATTTGCAATCGTGAATCG 5940
DB 5881 TATGCTTGTGATGAGCAACACTGTATGTAATGATATCTTATTTGCAATCGTGAATCG 5940
OY 5941 CAGGAAGTACTGAGGCAATCTGAGAGCACTTACCCCTGAGTGCATATCAGCTTGCAT 6000
DB 5941 CAGGAAGTACTGAGGCAATCTGAGAGCACTTACCCCTGAGTGCATATCAGCTTGCAT 6000
OY 6001 CCGTTGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCGGGCTTAGAGAT 6060
DB 6001 CCGTTGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCGGGCTTAGAGAT 6060
OY 6061 TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
DB 6061 TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
OY 6121 GAGCATGTTTAACTTCTGCTTCTTCTTCAAGCTGCGAGAAAGGGGTCAAGAGGCC 6180
DB 6121 GAGCATGTTTAACTTCTGCTTCTTCTTCTTCAAGCTGCGAGAAAGGGGTCAAGAGGCC 6180
OY 6181 CTGATTTGATCAGATATGCTCAAGACGCTGTCTCATGCGGTCTGAATCATCTTTTC 6240

Db 6181 CTGGATGGATGAGTATGCTCCAAAGCAGCTGTCCATCGGATGCTGAACCTATCTTTTC 6240
Qy 6241 TGTGGAGATGGTTTGGCAAACTTTACAAAGSACCAGAACCTGTTCATTAATTCAG 6300
Db 6241 TGTGGAGATGGTTTGGCAAACTTTACAAAGSACCAGAACCTGTTCATTAATTCAG 6300
Qy 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGTGGCTAGAACCGGACCAACTGATTTG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGTGGTGGCTAGAACCGGACCAACTGATTTG 6360
Qy 6361 GACTAGCTTGTGTGTGTAAATTAATGAGGCTTAAATGAGGCTTAAATGAGGCTTAA 6420
Db 6361 GACTAGCTTGTGTGTGTAAATTAATGAGGCTTAAATGAGGCTTAAATGAGGCTTAA 6420
Qy 6421 TCACATTTTGTGTACGACAGTATCTCTCAAAATGCTGTTCACCCAGGTCGCCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTGTACGACAGTATCTCTCAAAATGCTGTTCACCCAGGTCGCCCAAC 6480
Qy 6481 CTTGAGAGCTGACGTGGCCGTGGACGGCGTACAGGTTCAAGTGTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGACGTGGCCGTGGACGGCGTACAGGTTCAAGTGTATCTAGGTGAGCCAA 6540
Qy 6541 AACTCTTGTGAGACATCTGCTTGTGTAGAGCTCTGACGGTAAGGCTTAAATCTTTTA 6600
Db 6541 AACTCTTGTGAGACATCTGCTTGTGTAGAGCTCTGACGGTAAGGCTTAAATCTTTTA 6600
Qy 6601 GCTTCCCTTCGGGCTGACGGTCAACACCTGCTGTGCGCATGCAACTTAATTTGGCTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCGGGCTGACGGTCAACACCTGCTGTGCGCATGCAACTTAATTTGGCTGA 6660
Qy 6661 TGCATTTGAGACAAATGACTGTATTTCAAAACAACACTCTAGTATGAGGACCGCAGT 6720
Db 6661 TGCATTTGAGACAAATGACTGTATTTCAAAACAACACTCTAGTATGAGGACCGCAGT 6720
Qy 6721 GTCCGCTCTTGTGTAAACAGAGATGGGGCTGTAAACCAATGCTTGAAGCAATTTTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTGTAAACAGAGATGGGGCTGTAAACCAATGCTTGAAGCAATTTTC 6780
Qy 6781 AGCTGAGCTTGAACACCACCAATGCTGACAGCCCTCATGCAAGAGTGTGTAGAA 6840
Db 6781 AGCTGAGCTTGAACACCACCAATGCTGACAGCCCTCATGCAAGAGTGTGTAGAA 6840
Qy 6841 GGGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTACCTTCCCTCCGAGATCCGTCC 6900
Db 6841 GGGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTACCTTCCCTCCGAGATCCGTCC 6900
Qy 6901 AGGAGTGTATGCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Db 6901 AGGAGTGTATGCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Qy 6961 CCTCTTCAACAACCTGTTCTACAGTTGGCAATGCGCATGSCCTTGTGGAGCGGCTGA 7020
Db 6961 CCTCTTCAACAACCTGTTCTACAGTTGGCAATGCGCATGSCCTTGTGGAGCGGCTGA 7020
Qy 7021 GTGTAAACCTTTCACTGCAATGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGCCCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAAACCTTTCACTGCAATGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGCCCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTTACCAATTAACCTTCCAAAAAGAGGTCTGTGATGTGTCAAGAGGATTTGGTCAAC 7140
Db 7081 TTTTACCAATTAACCTTCCAAAAAGAGGTCTGTGATGTGTCAAGAGGATTTGGTCAAC 7140
Qy 7141 GGGTAAACCGTTTCAGCTACGTATGAGCCCGCTACCCCTTAAGATAGCGGAGAAAGGA 7200
Db 7141 GGGTAAACCGTTTCAGCTACGTATGAGCCCGCTACCCCTTAAGATAGCGGAGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTTCACTCACTGAGCCCGCCCAACAGGCTTACAAAAAGAAAGTTGGAGAAAGTGAAT 7260
Db 7201 TTTCACTCACTGAGCCCGCCCAACAGGCTTACAAAAAGAAAGTTGGAGAAAGTGAAT 7260
Qy 7261 TTTGAGACATGAGTGTACCTGAGACCAAGTGTAGCTTCAAACTGCTTCAAACT 7320
Db 7261 TTTGAGACATGAGTGTACCTGAGACCAAGTGTAGCTTCAAACTGCTTCAAACT 7320

Db 7261 TTTGAGACATGAGTGTACCTGAGACCAAGTGTAGCTTCAAACTGCTTCAAACT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCACTACCTAGTGTCTTCTCAAAAGAAATCATTTGGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCACTACCTAGTGTCTTCTCAAAAGAAATCATTTGGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCGCGGAGTGGGAGCTTAAAGAAACAAAGCTCACTAATTAATGACCACTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCGCGGAGTGGGAGCTTAAAGAAACAAAGCTCACTAATTAATGACCACTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATATACCAAGCAAGTATGAGTGTGCTTAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATCATATACCAAGCAAGTATGAGTGTGCTTAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CCGTGTCAATGTGGACATATGATGAAGTAGACAGCTCACAAGCTCTTAAGTCTGTAAGTC 7560
Db 7501 CCGTGTCAATGTGGACATATGATGAAGTAGACAGCTCACAAGCTCTTAAGTCTGTAAGTC 7560
Qy 7561 CCACATCACTGGCTTTCGGGGGCACTGATGTTCTTGTGAGAGACCGCCCAAGGCTGCT 7620
Db 7561 CCACATCACTGGCTTTCGGGGGCACTGATGTTCTTGTGAGAGACCGCCCAAGGCTGCT 7620
Qy 7621 GGAATTTGAGAGATGTGTGAGGAGTGAATACCGAGTCAATTAACGCAAACTGTGAT 7680
Db 7621 GGAATTTGAGAGATGTGTGAGGAGTGAATACCGAGTCAATTAACGCAAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCAAAAGAGAGGTCTTGTGTAAGACCCCGAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCAAAAGAGAGGTCTTGTGTAAGACCCCGAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTGATCCCCCACTTTGAAATGAGATGTGTGAGAAAGTGTCTAGAGTCAAGT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTGATCCCCCACTTTGAAATGAGATGTGTGAGAAAGTGTCTAGAGTCAAGT 7800
Qy 7801 TGCTCTGACGATGTAAGCTGTATGAGGAGATGCGTACAGGCTTGTATGATCCAGTAC 7860
Db 7801 TGCTCTGACGATGTAAGCTGTATGAGGAGATGCGTACAGGCTTGTATGATCCAGTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTTGTGTGATGTGTACCCGATGTGATGAGGCCACATGCGATAC 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTTGTGTGATGTGTACCCGATGTGATGAGGCCACATGCGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAACATGATCACTACACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGATCTATCTC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAACATGATCACTACACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGATCTATCTC 7980
Qy 7981 AGCAGCTAACTCAGTGTACCAACACCGAGCTGGCATTCACACATTTGCGAGGAGTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTAACTCAGTGTACCAACACCGAGCTGGCATTCACACATTTGCGAGGAGTTATA 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCGTAGTGTAGTTC 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCGTAGTGTAGTTC 8100
Qy 8101 TTTCCGCGCTTATATCTACCTGCAAGTTCAACAGTTGACCTGCTGCTGAAGGTAATGAC 8160
Db 8101 TTTCCGCGCTTATATCTACCTGCAAGTTCAACAGTTGACCTGCTGCTGAAGGTAATGAC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGCATGAAAGACCTTCTCTTATTTTGGGAGATGTCAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGGCATGAAAGACCTTCTCTTATTTTGGGAGATGTCAC 8220
Qy 8221 CGTAAATTTGAGAGCGCCGAGACAGATGACAGCAACAGCAATGCGTCTTGTCTAG 8280
Db 8221 CGTAAATTTGAGAGCGCCGAGACAGATGACAGCAACAGCAATGCGTCTTGTCTAG 8280
Qy 8281 CTGATGAGAGGTGATGGGTGACCAACAGATGTGTGCTTCAACCAATTAAGTTTGA 8340
Db 8281 CTGATGAGAGGTGATGGGTGACCAACAGATGTGTGCTTCAACCAATTAAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATCATCTCATCAAAATGTTTACTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTAA 8400
Db 8341 AGAATTAACATCATCTCATCAAAATGTTTACTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTAA 8400

```

QY 8401 CTACTTCTTCAAGAGATCCCTCGATCCCTTGGCAGTGTCTGCGGAGGCTTGG 8460
DB 8401 CTACTTCTTCAAGAGATCCCTCGATCCCTTGGCAGTGTCTGCGGAGGCTTGG 8460
QY 8461 ATACACCCCAAGTGTGGTGGATTTGATATCAATACATCACTACATCCATGTTGGGT 8520
DB 8461 ATACACCCCAAGTGTGGTGGATTTGATATCAATACATCACTACATCCATGTTGGGT 8520
QY 8521 TAGCCGTGTGTGGTGTGCTGATTCATGAGAGATGCTTTGAGCAAACTTCCGA 8580
DB 8521 TAGCCGTGTGTGGTGTGCTGATTCATGAGAGATGCTTTGAGCAAACTTCCGA 8580
QY 8581 GACGCTGACCTTTGACGTGTATGAGGAAAAATTAATACGCTGCTGAGAACTTCCAG 8640
DB 8581 GACGCTGACCTTTGACGTGTATGAGGAAAAATTAATACGCTGCTGAGAACTTCCAG 8640
QY 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGTAATGAGGCTTTCTCGGTGTGGCTACACCAAGCTGA 8700
DB 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGTAATGAGGCTTTCTCGGTGTGGCTACACCAAGCTGA 8700
QY 8701 GATCTCAGATTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGCCCTGCGAGCCTGCG 8760
DB 8701 GATCTCAGATTTCCCAATCACTAACAGACATGACATGCCCTGCGAGCCTGCG 8760
QY 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGTCTCTGCGCAGGCGCCAGAGGCGTGGGAGACACGCAAAATT 8820
DB 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGTCTCTGCGCAGGCGCCAGAGGCGTGGGAGACACGCAAAATT 8820
QY 8821 GCGTGTCTCTCTCTGCGCATGTACATCTAGACCTTCTACCAATTTGATTAAGACGAG 8880
DB 8821 GCGTGTCTCTCTCTGCGCATGTACATCTAGACCTTCTACCAATTTGATTAAGACGAG 8880
QY 8881 CGTGGCTGTGTACACCACTTTCAATATTTGATTTACTTCTCCCGAGGGGAGATGTGT 8940
DB 8881 CGTGGCTGTGTACACCACTTTCAATATTTGATTTACTTCTCCCGAGGGGAGATGTGT 8940
QY 8941 TATTACACACAGAGAGATGTCAGAGATTTCTTGAAGTATTTGGCTCATGTTT 9000
DB 8941 TATTACACACAGAGAGATGTCAGAGATTTCTTGAAGTATTTGGCTCATGTTT 9000
QY 9001 TGCCCTAGGCTCATTTGCTGTGTGATTAAGCATCACTGAACCCCAAAATTCAAATTA 9060
DB 9001 TGCCCTAGGCTCATTTGCTGTGTGATTAAGCATCACTGAACCCCAAAATTCAAATTA 9060
QY 9061 CTAAAG---TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGAGGGGCAAGGGAGACCCC 9116
DB 9061 TTAAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGAGGGGCAAGGGAGACCCC 9120
QY 9117 GGGCTTAAGACCCCGC 9133
DB 9121 GGGCTTAAGACCCCGC 9137

```

RESULT 9
AAT59785
ID AAT59785 standard; DNA; 9143 BP.

```

XX AAT59785;
AC AAT59785;
XX 27-AUG-2003 (revised)
DT 18-MAY-1997 (first entry)
XX Hepatitis B virus-B 5' nontranslated region.
XX HGBV; flavivirus; translation; antisense; therapy; blood screening;
XX diagnosis; ss.
XX Hepatitis GB virus B.
XX Key Location/Qualifiers
FT 1..445
FT 5'UTR
FT /*tag= a

```

```

FT CDS 446..448
FT /*tag= b
FT /codon_start= 446..448
PN M09707224-A1.
XX 27-FEB-1997.
XX 14-AUG-1996; 96MO-US013198.
XX 14-AUG-1995; 95US-0002265P.
XX 21-DEC-1995; 95US-00580038.
XX 19-APR-1996; 96US-00639857.
PA (ABBO ) ABBOTT LAB.
PI Simone JN, Desai SM, Muehahwar IK;
XX WPI; 1997-165306/15.
DR Controlling translation of hepatitis GB viral nucleic acid - with non-
XX natural hybridizing sequence, used for treatment of infection, screening
PT blood etc.
XX Disclosure; Page 61-66; 86pp; English.
XX 5' Nontranslated regions (NTRs) (AAT59784-86) were identified for
XX hepatitis GB virus (HGBV) types A, B and C. Unlike HGBV-A and -C, HGBV-B
XX appears similar to the hepatitis C virus (HCV) and pestivirus genera of
XX the Flaviviridae. Similar to HCV, HGBV-B 5'NTR contains an internal
XX ribosome entry site. Nucleic acids (including antisense) derived from
XX HGBV 5'NTRs can be used to control the translation of HGBV nucleic acids
XX to proteins. Blocking or decreasing translation may decrease the
XX pathology of a viral infection. Enhancement of translation may allow for
XX stronger immune responses. HGBV nucleic acids can also be used to screen
XX blood/organs for the presence of HGBV, in epidemiological studies and
XX possibly to purify HGBV proteins for use in diagnostic assays. (updated
XX on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
SQ Sequence 9143 BP; 2071 A; 2266 C; 2349 G; 2457 T; 0 U; 0 Other;
Query Match 96.2%; Score 9037.4; DB 2; Length 9143;
Best Local Similarity 99.4%; Pred. No. 0;
Matches 9082; Conservative 0; Mismatches 51; Indels 4; Gaps 1;
QY 1 ACCCAAAACATCCAGTTTGTATACATCCGCTAGAAATGCTTCGAGACACCCCTTAG 60
DB 1 ACCCAAAACATCCAGTTTGTATACATCCGCTAGAAATGCTTCGAGACACCCCTTAG 60
QY 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCTCTCAGAAAGGTTGAGACCAACCTTAGAT 120
DB 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCTCTCAGAAAGGTTGAGACCAACCTTAGAT 120
QY 121 GTAGCGCGGGAGCTATGACGCTCGGTATGACAAAGCGCAAGCTTAGTATGATG 180
DB 121 GTAGCGCGGGAGCTATGACGCTCGGTATGACAAAGCGCAAGCTTAGTATGATG 180
QY 181 CCGATGGCGCTTATGGCTTGGTGTGGTGGCTTTAGGACGCTTACAGCCACCA 240
DB 181 CCGATGGCGCTTATGGCTTGGTGTGGTGGCTTTAGGACGCTTACAGCCACCA 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGGGGAGCTGTAGGGAACCGGGGACCGGTACTACAAAGAG 300
DB 241 CCTCCAGATAGAGCGGGGAGCTGTAGGGAACCGGGGACCGGTACTACAAAGAG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAAGCTCCGGAAGTATTTGGCAAGCCCACTATATGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAAGCTCCGGAAGTATTTGGCAAGCCCACTATATGT 360
QY 361 TGGATGGTTGGGTTAGCCATCATACCTGCTGATAGGCTCTTGGGAGGAT 420
DB 361 TGGATGGTTGGGTTAGCCATCATACCTGCTGATAGGCTCTTGGGAGGAT 420

```

QY	421	CTGGAGTCTCGTAAACCGGTAGACATAGCCCTGTTATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACC	480
Db	421	CTGGAGTCTCGTAAACCGGTAGACATATCCCTGTTATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACC	480
QY	481	TGCGCCCAAGAACGCGACAAGACAAGCAACGAGGCTTCATATCCTGTGTCCATTAAAC	540
Db	481	TGCGCCCAAGAACGCGACAAGACAAGCAACGAGGCTTCATATCCTGTGTCCATTAAAC	540
QY	541	ATCTGTGAAAGGGGACAACGACGAAGACGCAAAAGTCACGCGCATGCTCGGCTCGTAA	600
Db	541	ATCTGTGAAAGGGGACAACGACGAAGACGCAAAAGTCACGCGCATGCTCGGCTCGTAA	600
QY	601	TTACAAATTTCTGTATTCATATGATGGCTTGACAGCATTTGGCTAGAGCTCTTGGCCAGC	660
Db	601	TTACAAATTTCTGTATTCATATGATGGCTTGACAGCATTTGGCTAGAGCTCTTGGCCAGC	660
QY	661	TCATGTTGGGGAGCGCCAAAGACCCCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCCTTCTAGA	720
Db	661	TCATGTTGGGGAGCGCCAAAGACCCCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCCTTCTAGA	720
QY	721	TTACCCCTTGGGGTGGATTTGGTATGTTAAACAACCTCTAGTAGAGCCGCTGGT	780
Db	721	TTACCCCTTGGGGTGGATTTGGTATGTTAAACAACCTCTAGTAGAGCCGCTGGT	780
QY	781	GGCAGGAGCGGTCGTTCCACAGTCTGCAAGATAGTACGCTTCTGTGAGATGAGACTAA	840
Db	781	GGCAGGAGCGGTCGTTCCACAGTCTGCAAGATAGTACGCTTCTGTGAGATGAGACTAA	840
QY	841	CTGGGCTACTGTTGGTTCCGGTGTCCACTTTTGTGTGATGTCTGTATCTTGGCCTG	900
Db	841	CTGGGCTACTGTTGGTTCCGGTGTCCACTTTTGTGTGATGTCTGTATCTTGGCCTG	900
QY	901	TCCCTGTAGTGGGAGCGCGGCTCACTGACCCAGACAACAATAACAATCTCGACCAATTG	960
Db	901	TCCCTGTAGTGGGAGCGCGGCTCACTGACCCAGACAACAATAACAATCTCGACCAATTG	960
QY	961	CTGCAGCGTAACTCAGTTATCTATTTGTTCTCTCCACCTTGCTPACACAGACCTGGTTG	1020
Db	961	CTGCAGCGTAACTCAGTTATCTATTTGTTCTCTCCACCTTGCTPACACAGACCTGGTTG	1020
QY	1021	TGTGATCTGTGGGAGCGAGTGTGGGTTCCGCGCAATCCGTAACATCTACACCCCTTCCAA	1080
Db	1021	TGTGATCTGTGGGAGCGAGTGTGGGTTCCGCGCAATCCGTAACATCTACACCCCTTCCAA	1080
QY	1081	TTGACTGTGGACGACGACTCCTCTTGGGCTGACCACTTGAATTTGTTAGGGGCGCTCTGT	1148
Db	1081	TTGACTGTGGACGACGACTCCTCTTGGGCTGACCACTTGAATTTGTTAGGGGCGCTCTGT	1148
QY	1141	GACCTGTACCGCTTTGACATTTGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTATTAATGTGGTGA	1200
Db	1141	GACCTGTACCGCTTTGACATTTGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTATTAATGTGGTGA	1200
QY	1201	GCTTGTCAAGGCACTGGCTTATTCATATAGACCTTAAATGGTACTGTGTTACTGTGA	1260
Db	1201	GCTTGTCAAGGCACTGGCTTATTCATATAGACCTTAAATGGTACTGTGTTACTGTGA	1260
QY	1261	AGTGGCCACTGGAATAGATTCCTGGGTTCTCTAGAGGTTTATTCGGGTTGATGCGCGCAAGT	1320
Db	1261	AGTGGCCACTGGAATAGATTCCTGGGTTCTCTAGAGGTTTATTCGGGTTGATGCGCGCAAGT	1320
QY	1321	CGAGGCTGTCACTTTCTTGACCAACTGAGCTTCAACAAGTACCAATGCTATTTGCGATAT	1380
Db	1321	CGAGGCTGTCACTTTCTTGACCAACTGAGCTTCAACAAGTACCAATGCTATTTGCGATAT	1380
QY	1381	GTTTAGCAGTGAACACTACCTTGGCGGTTGGCGCTGTGATCTTAATGTCTCTCGGGGCA	1440
Db	1381	GTTTAGCAGTGAACACTACCTTGGCGGTTGGCGCTGTGATCTTAATGTCTCTCGGGGCA	1440
QY	1441	GTTGATACAGTTGCTCTTAGCGCTTATGCTTTACATAGAGGACCTCTGGAACCTTAT	1500
Db	1441	GTTGATACAGTTGCTCTTAGCGCTTATGCTTTACATAGAGGACCTCTGGAACCTTAT	1500
QY	1501	CAGGGTCCCACTGATGCTCAATAGCTGAATTTTGTCTGCGCTTGTATGATCAATGTCC	1560

Dp	1501	CAGGGTCCCACTGAGATGCTCAATAGCTGAGATTGGCTCGGCTTTGATGATACATGTC	1560
Qy	1561	TTGGCACTCTTAATTGAGTGAGAAATGTCGAGAAAGTCATTGTTTACAGTCCAAAGTGAC	1620
Dp	1561	TTGGCACTCTTAATTGAGTGAGAAATGTCGAGAAAGTCATTGTTTACAGTCCAAAGTGAC	1620
Qy	1621	CAGGCTTAACACTCTAAGATATACACTCTCATATCTTGGTACCCCTATACATACCTCTGG	1680
Dp	1621	CAGGCTCTGACCTCTAAGATATACACTCTCATATCTTGGTACCCCTATACATACCTCTGG	1680
Qy	1681	TGCGAGGGGAGATGATGAGTTAAATTCAAAAATAACATAGGGGTGCTGCCTGATTTGCGAA	1740
Dp	1681	TGCGAGGGGAGATGATGAGTTAAATTCAAAAATAACATAGGGGTGCTGCCTGATTTGCGAA	1740
Qy	1741	TGTGCCATGCTACTGCACTATATGGGCACTGATGCAGTGTGAAACGACACTGCAACTTTA	1800
Dp	1741	TGTGCCATGCTACTGCACTATATGGGCACTGATGCAGTGTGAAACGACACTGCAACTTTA	1800
Qy	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACCACTATGCTTAACACCGCATGCGACAAAGGCTTACGCTTGAA	1860
Dp	1801	CGAAGCATGCGGTGTAAACCACTATGCTTAACACCGCATGCGACAAAGGCTTACGCTTGAA	1860
Qy	1861	ATTGGCTATATTAACAATCCCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGGATGTC	1920
Dp	1861	ATTGGCTATATTAACAATCCCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGGATGTC	1920
Qy	1921	AGGCACTTTGATATTTAGAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATATGACCCCTTGAA	1980
Dp	1921	AGGCACTTTGATATTTAGAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATATGACCCCTTGAA	1980
Qy	1981	TTCCACTCTCCATCACCGGAGGTGGCTAGTGTCCCGGTACCCCATCTGTGTATACG	2040
Dp	1981	TTCCACTCTCTTACCAACCGGAGGTGGCTAGTGTCCCGGTATCCCATCTGTGTATACG	2040
Qy	2041	TGTTCTTGATTAACAGTTCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAACCATGACACAGG	2100
Dp	2041	TGTTCTTGATTAACAGTTCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAACCATGACACAGG	2100
Qy	2101	ATTGATCACCAAGACCAAGCTGTGAAAAATATCAGGCTTTATATTTCCGCAAGGGTGC	2160
Dp	2101	ATTGATCACCAAGACCAAGCTGTGAAAAATATCAGGCTTTATATTTCCGCAAGGGTGC	2160
Qy	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTTACCAACCAAGGCCGTGTCTAATTTCTTTGGGGTGTGTGG	2220
Dp	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTTACCAACCAAGGCCGTGTCTAATTTCTTTGGGGTGTGTGG	2220
Qy	2221	CAGCAATATCTAATTTTAAAGCTACACGTATATGTCCTTGTGTTGGGGCGGCTTC	2280
Dp	2221	CAGCAATATCTAATTTTAAAGCTACACGTATATGTCCTTGTGTTGGGGCGGCTTC	2280
Qy	2281	TGTTTACCCCTTGGCTCTGTGTCGCCATCCAGTCGATCTCCAGCTGTGCTGGATGT	2340
Dp	2281	TGTTTACCCCTTGGCTCTGTGTCGCCATCCAGTCGATCTCCAGCTGTGCTGGATGT	2340
Qy	2341	TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACGCTCTTGTGCTTTGATTTCTTCAATCTGTGCTATCTCCG	2400
Dp	2341	TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACGCTCTTGTGCTTTGATTTCTTCAATCTGTGCTATCTCCG	2400
Qy	2401	CTGCAAGCTACGTTATCTGCTCTTTAAGGTTTGTGCCAATGGCTGGGGCTTGGCCCT	2460
Dp	2401	CTGCAAGCTACGTTATCTGCTCTTTAAGGTTTGTGCCAATGGCTGGGGCTTGGCCCT	2460
Qy	2461	AACCTTCTTTGTCACAGCTGTGCGCAACAGATTATGACGTGTGGTGCACACTGCT	2520
Dp	2461	AACCTTCTTTGTCACAGCTGTGCGCAACAGATTATGACGTGTGGTGCACACTGCT	2520
Qy	2521	AGTGGCAGGGTATGTTTGTGTGGCCCGGACCGGTGTCAAGTATAGCTCTGTGTTGT	2580
Dp	2521	AGTGGCAGGGTATGTTTGTGTGGCCCGGACCGGTGTCAAGTATAGCTCTGTGTTGT	2580
Qy	2581	AGTTCCTTGGCTCTGTGTAAGCTTTTAACCTTGCATTTGGTTACGCTGCTTACG	2640
Dp	2581	AGTTCCTTGGCTCTGTGTAAGCTTTTAACCTTGCATTTGGTTACGCTGCTTACG	2640


```
Db 2581 AGGTCCTTGCGCTCTGTAAGCGCTTTAAACCTCTTGCAATTTGGCTACGCCCTGCTTACG 2640
Qy 2641 TTTTGATACCGAGATATTTGAGGGGCTGACAAATACACCTGTAGTACATTAGTGTGAT 2700
Db 2641 TTTTGACACCGAGATATTTGAGGGGCTGACAAATACACCTGTAGTACATTAGTGTGAT 2700
Qy 2701 GTCTGCTTTGGCTCTTTGCTCTCACTTGTACCTGCTGTGTGCTTTAGTTAACTCCATCT 2760
Db 2701 GTCTGCTTTGGCTCTTTGCTCTCACTTGTACCTGCTGTGTGCTTTAGTTAACTCCATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGTTGGGGAATTTGTTGGAAGCTTACCTAGAACCGGAGAGAGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTTGGGGAATTTGTTGGAAGCTTACCTAGAACCGGAGAGAGTTTTCCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGCTTTGTTTCCCGGCTGCGACATATGACCGCTGTGATCTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGCTTTGTTTCCCGGCTGCGACATATGACCGCTGTGATCTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTGCAATGCAATGCAATGCTTTCTTTGGGACTGACTGAGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAACTGCAATGCAATGCAATGCTTTCTTTGGGACTGACTGAGGT 2940
Qy 2941 TAGGGCCCATAGATGTTGTTGCTGCGAAAGTGTATGCTGTGTATTCATATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGATGTTGTTGCTGCGAAAGTGTATGCTGTGTATTCATATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTATGTTTGTGAGAGATGTTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTATGTTTGTGAGAGATGTTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Qy 3061 TGTGATGTTCTTGCTTAATGATTTTGTGCGAACTACCATTTGCAAGACATTTTCC 3120
Db 3061 TGTGATGTTCTTGCTTAATGATTTTGTGCGAACTACCATTTGCAAGACATTTTCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGAGGCTCTATAGGAATGAAAGAGAGAGCTTGTGTGTGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGAGGCTCTATAGGAATGAAAGAGAGAGCTTGTGTGTGGAGAC 3180
Qy 3181 GGTGATGTTGTTGCTGTTGTTGCTGCGACCTTGTGTTGCGAGGTTGAGTAT 3240
Db 3181 GGTGATGTTGTTGCTGTTGTTGCTGCGACCTTGTGTTGCGAGGTTGAGTAT 3240
Qy 3241 GCGCCGAGATGGGTGGGCAATTAACCGCACTTTTACGCTGACAGTGTCTCTGAACTGG 3300
Db 3241 GCGCCGAGATGGGTGGGCAATTAACCGCACTTTTACGCTGACAGTGTCTCTGAACTGG 3300
Qy 3301 CACGCTGTCAAGGATGCGAGTGTATGATCTGTGTATTAACCCCGCACTTGTGAAGAC 3360
Db 3301 CACGCTGTCAAGGATGCGAGTGTATGATCTGTGTATTAACCCCGCACTTGTGAAGAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAGATTAGGATCTGTGGCCACTAGCTACATGAGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGGATCTGTGGCCACTAGCTACATGAGGATTTGTTGTGAACAAGTGT 3420
Qy 3421 GTATATCTCTCAACATGCGAGCAAGGAGGCGCGGTTGTGCTCATCCCAAGGCTCTATACA 3480
Db 3421 GTATATCTCTCAACATGCGAGCAAGGAGGCGCGGTTGTGCTCATCCCAAGGCTCTATACA 3480
Qy 3481 CCCAATAACCGTTGACGGGGCTTAATGACCAAGACATCTATCAACCAATGTGAAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATAACCGTTGACGGGGCTTAATGACCAAGACATCTATCAACCAATGTGAAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTGCGTCTGTGCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTGAACCAAGCTGGGGTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTGCGTCTGTGCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTGAACCAAGCTGGGGTTC 3600
Qy 3601 ATTGTTAGGTCACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGGGGCTTTCCAT 3660
Db 3601 ATTGTTAGGTCACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGGGGCTTTCCAT 3660
Qy 3661 GGCTGTGCGAAGGGTCTTCAAGTGTGCGGCAATTTGTGTGTCTCTCGGGGCAATGTATGG 3720
Db 3661 GGCTGTGCGAAGGGTCTTCAAGTGTGCGGCAATTTGTGTGTCTCTCGGGGCAATGTATGG 3720
```

```
Qy 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGTTGACGTAGTACAGATTAGGTTAGGCGCTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGGTTTACGTAGTACAGATTAGGTTAGGCGCTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGTGTGATACCATCCCGGCTACAGACATGCGACTTGTATACAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGTGATACCATCCCGGCTACAGACATGCGACTTGTATACAAACCTTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTACAGAGATTACAGTACAAATTTTATTTGCCCCCACTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTACAGAGATTACAGTACAAATTTTATTTGCCCCCACTGGACGGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTAACCACTTTCTTACATGACAGAGAGATGAGGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCACTTTCTTACATGACAGAGAGATGAGGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGCTAACACAGCATCAATGCCAAGTACATGCAAGCGCATGTAAGCGGCTGAATCCAAATG 4020
Db 3961 GGCTAACACAGCATCAATGCCAAGTACATGCAAGCGCATGTAAGCGGCTGAATCCAAATG 4020
Qy 4021 CTATTTTAATGGCAATGTATGACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGAGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGCAATGTATGACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGAGAT 4080
Qy 4081 GTACCTGACCGGACATGTTCCCGGAACTATGATGTATCATTTGTGACGAATGCGATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGACATGTTCCCGGAACTATGATGATCATTTGTGACGAATGCGATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACACCGCTGTTGGGCTTTGGAAGAGTCTTAAACCGAAGTCCATCCAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGCTGTTGGGCTTTGGAAGAGTCTTAAACCGAAGTCCATCCAAAA 4200
Qy 4201 TGTAGGCTAGTGTGTTCTGCAAGGCTACCCCGCTGAGATTAATCCCTAACCAACATGC 4260
Db 4201 TGTAGGCTAGTGTGTTCTGCAAGGCTACCCCGCTGAGATTAATCCCTAACCAACATGC 4260
Qy 4261 CAACATACCTGAGATTAATTAACCGATGAAAGGCACTATCCCTTTACATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATACCTGAGATTAATTAACCGATGAAAGGCACTATCCCTTTACATGAAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAAGCTACCAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAAGCTACCAAAAAACCTG 4380
Qy 4381 TGATGACCTGCTAACGATGATGCTCGAAAGGGAATTAACAGCTGCTTACTATAGGGG 4440
Db 4381 TGATGACCTGCTAACGATGATGCTCGAAAGGGAATTAACAGCTGCTTACTATAGGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTCACATGATGCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTCACATGATGCTTGTG 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACTGTGTACTTTGATTCCTGTGTATGACTGACGCTCATGTGAAGGAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGTGTACTTTGATTCCTGTGTATGACTGACGCTCATGTGAAGGAC 4560
Qy 4561 ATGCGATGTGACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCT 4620
Db 4561 ATGCGATGTGACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCT 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCGAGGTAGGGGCGCACAGGCGGTGGAGAGCTGACATATACTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCGAGGTAGGGGCGCACAGGCGGTGGAGAGCTGACATATACTACTA 4680
Qy 4681 TGTAGAGGGAGTGTATCCCTTGGGGTATGCTTGTATGATGCAATGTGTAAGCCTT 4740
Db 4681 TGTAGAGGGAGTGTATCCCTTGGGGTATGCTTGTATGATGCAATGTGTAAGCCTT 4740
Qy 4741 CGAGCGACCAAGGATGTATGTTGTGTATCAACAGAAAGTCAAACTATTTGTGACAC 4800
Db 4741 CGAGCGACCAAGGATGTATGTTGTGTATCAACAGAAAGTCAAACTATTTGTGACAC 4800
```

QY 4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTTGGACGAATGGGCTGATCT 4860
 |||||
 Db 4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTTGGACGAATGGGCTGATCT 4860
 |||||
 QY 4861 CTTTCTATAGTCAACCCGGAACCTTCATTGTCAATATGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
 |||||
 Db 4861 CTTTCTATAGTCAACCCGGAACCTTCATTGTCAATATGCAAAAAGAACTGCTGACAA 4920
 |||||
 QY 4921 TTATGTTTGTGATGTCAGCCCACTACACTGTGTCACTAGTATGCTATGCTGCTCC 4980
 |||||
 Db 4921 TTATGTTTGTGATGTCAGCCCACTACACTGTGTCACTAGTATGCTATGCTGCTCC 4980
 |||||
 QY 4981 CAATGACGACCAAGGTGGACAGGAGCCGCGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGTTCTGTG 5040
 |||||
 Db 4981 CAATGACGACCAAGGTGGACAGGAGCCGCGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGTTCTGTG 5040
 |||||
 QY 5041 GGGCTTGGACGGCGGTCAGGCGCTGTCTGTCGCCCAAGAGCCCAAGAGGTACAGATACCA 5100
 |||||
 Db 5041 GGGCTTGGACGGCGGTCAGGCGCTGTCTGTCGCCCAAGAGCCCAAGAGGTACAGATACCA 5100
 |||||
 QY 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGGGACAGCCGCACTCGCTGTTGGGCTTGAAGT 5160
 |||||
 Db 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGGGACAGCCGCACTCGCTGTTGGGCTTGAAGT 5160
 |||||
 QY 5161 GGGTATGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTGTC 5220
 |||||
 Db 5161 GGGTATGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTGTC 5220
 |||||
 QY 5221 TTATGATAGTCCCAACGGGTGCTACTGTGCGCCCAAGGTGTCAGAGAAAGAAATCGT 5280
 |||||
 Db 5221 TTATGATAGTCCCAACGGGTGCTACTGTGCGCCCAAGGTGTCAGAGAAAGAAATCGT 5280
 |||||
 QY 5281 GGAGAGTGTGATCTTATCTTCCCTTGGAGGCACTGTTGCTGCAATCGATAGCTGAA 5340
 |||||
 Db 5281 GGAGAGTGTGATCTTATCTTCCCTTGGAGGCACTGTTGCTGCAATCGATAGCTGAA 5340
 |||||
 QY 5341 GAGTACATACCAACAATGATCTTTCACATTTGAAACCGCCCTTGA AAAAATTGACAC 5400
 |||||
 Db 5341 GAGTACATACCAACAATGATCTTTCACATTTGAAACCGCCCTTGA AAAAATTGACAC 5400
 |||||
 QY 5401 CTTTCTGGGCGCTACAGAGCTACATCTGTCTATCATAGATATGCTGTGCTTACT 5460
 |||||
 Db 5401 CTTTCTGGGCGCTACAGAGCTACATCTGTCTATCATAGATATGCTGTGCTTACT 5460
 |||||
 QY 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATAGCGTGTTCCTTTCATTTGCGGTAATTAATAC 5520
 |||||
 Db 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATAGCGTGTTCCTTTCATTTGCGGTAATTAATAC 5520
 |||||
 QY 5521 CCCACTACTCACAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGGAGCGCAATTGCGTCAA 5580
 |||||
 Db 5521 CCCACTACTCACAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGGAGCGCAATTGCGTCAA 5580
 |||||
 QY 5581 GCTTACAGACGTCAGAGGCGCACTGGCGTTCATGAGGCGCGGCGCTGGGGAACAGCTCT 5640
 |||||
 Db 5581 GCTTACAGACGTCAGAGGCGCACTGGCGTTCATGAGGCGCGGCGCTGGGGAACAGCTCT 5640
 |||||
 QY 5641 TGGTACATGGAACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACATGAGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
 |||||
 Db 5641 TGGTACATGGAACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACATGAGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
 |||||
 QY 5701 ATTCATCTGCTTGTGACATTTAAATGCTTGAATGGGTGAGTGGCCCACTATGATACGCT 5760
 |||||
 Db 5701 ATTCATCTGCTTGTGACATTTAAATGCTTGAATGGGTGAGTGGCCCACTATGATACGCT 5760
 |||||
 QY 5761 TGGTGTGTTTATGCTACTCGCGGTTCAATCGCGCCGAGAGTGTGAGGCGCTTGTGACAG 5820
 |||||
 Db 5761 TGGTGTGTTTATGCTACTCGCGGTTCAATCGCGCCGAGAGTGTGAGGCGCTTGTGACAG 5820
 |||||
 QY 5821 TTGTGCAATGTTTCTTTGACACAGAGGCGCAAGTCACTGGCCCAACAGACTTTTAC 5880
 |||||
 Db 5821 TTGTGCAATGTTTCTTTGACACAGAGGCGCAAGTCACTGGCCCAACAGACTTTTAC 5880
 |||||
 QY 5881 TATGCTTGTGAGAGCAACCTGTATGTATGATCTTATTTGCCACTGCTGACATCCG 5940
 |||||

Db 5881 TATGCTTGTGAGAGCAACCTGTATGTATGATCTTATTTGCACTGCTGACATCCG 5940
 |||||
 QY 5941 CAGAGATGATCTGGGCAATTTCTGAGGCACTTACCCCTGAGTGTCAATATCAGTTGCAAT 6000
 |||||
 Db 5941 CAGAGATGATCTGGGCAATTTCTGAGGCACTTACCCCTGAGTGTCAATATCAGTTGCAAT 6000
 |||||
 QY 6001 CCGTTGCTCCACACCCCGAGAGATGATTTGGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAGAT 6060
 |||||
 Db 6001 CCGTTGCTCCACACCCCGAGAGATGATTTGGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAGAT 6060
 |||||
 QY 6061 TTTGAGATGATGTCGAATTTCTTTGATATTTGCTTATATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
 |||||
 Db 6061 TTTGAGATGATGTCGAATTTCTTTGATATTTGCTTATATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
 |||||
 QY 6121 GAGCATGTTAAATTTCTGTTGTCCTTTCTACAGCTGCCAGAGGGGTACAGAGGCC 6180
 |||||
 Db 6121 GAGCATGTTAAATTTCTGTTGTCCTTTCTACAGCTGCCAGAGGGGTACAGAGGCC 6180
 |||||
 QY 6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTTCAAGCAAGCTGTCTCATGCGGTGCTGAATCTCATCTTTTC 6240
 |||||
 Db 6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTTCAAGCAAGCTGTCTCATGCGGTGCTGAATCTCATCTTTTC 6240
 |||||
 QY 6241 TCTTGAAGATGTTTGGAAAACTTAAAGAGACCCAGAACTTGTGAAATTAATCTGGAG 6300
 |||||
 Db 6241 TCTTGAAGATGTTTGGAAAACTTAAAGAGACCCAGAACTTGTGAAATTAATCTGGAG 6300
 |||||
 QY 6301 AGGGCTGTTCAGTCAAGCTAGGCTGTGTGGGTGGCTGAGACCGAACCAATGATTTG 6360
 |||||
 Db 6301 AGGGCTGTTCAGTCAAGCTAGGCTGTGTGGGTGGCTGAGACCGAACCAATGATTTG 6360
 |||||
 QY 6361 GACTAGTCTTGTGCGTCAATTTATGCGCTTAAAGGACCTAGTAAATGAGAAATGGAGAG 6420
 |||||
 Db 6361 GACTAGTCTTGTGCGTCAATTTATGCGCTTAAAGGACCTAGTAAATGAGAAATGGAGAG 6420
 |||||
 QY 6421 TCACATTTTGTATACAGAGTATCTCTCCAAATGCTGTTTCAACCGAGTGGCCCAAC 6480
 |||||
 Db 6421 TCACATTTTGTATACAGAGTATCTCTCCAAATGCTGTTTCAACCGAGTGGCCCAAC 6480
 |||||
 QY 6481 CTTGAGACCTGACAGTGGCGGTGACAGGCGTACAGGTTAGTGTATCTTAGTGAAGCCCA 6540
 |||||
 Db 6481 CTTGAGACCTGACAGTGGCGGTGACAGGCGTACAGGTTAGTGTATCTTAGTGAAGCCCA 6540
 |||||
 QY 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTATGCGTCTGACGCTTAAAGGTTAAACTGTTTA 6600
 |||||
 Db 6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTATGCGTCTGACGCTTAAAGGTTAAACTGTTTA 6600
 |||||
 QY 6601 GCTTCCCTTCCGCGTTGACGCTCACACCTGTGTGTGGGCAATGAAATTTGGGTGA 6660
 |||||
 Db 6601 GCTTCCCTTCCGCGTTGACGCTCACACCTGTGTGTGGGCAATGAAATTTGGGTGA 6660
 |||||
 QY 6661 TGCATTTGAGCAAAATGACTGTATTTCAACAAACAACTCTAGTATGAGAGCCGACGT 6720
 |||||
 Db 6661 TGCATTTGAGCAAAATGACTGTATTTCAACAAACAACTCTAGTATGAGAGCCGACGT 6720
 |||||
 QY 6721 GTCCGCTCTTGTTTTCAACAGAGTGTGGCGTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTTG 6780
 |||||
 Db 6721 GTCCGCTCTTGTTTTCAACAGAGTGTGGCGTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTTG 6780
 |||||
 QY 6781 AGCTGCGCTTGAACACCAACAACTGCGAGGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTGTAGAAA 6840
 |||||
 Db 6781 AGCTGCGCTTGAACACCAACAACTGCGAGGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTGTAGAAA 6840
 |||||
 QY 6841 GCGCAGTTCCCGGAGAGAACTGTGTGCTTACCTTGTCTCCCTCCGAGATCGTCCG 6900
 |||||
 Db 6841 GCGCAGTTCCCGGAGAGAACTGTGTGCTTACCTTGTCTCCCTCCGAGATCGTCCG 6900
 |||||
 QY 6901 AGGAGTGTATGCTTGAAGAGCTTGCACAGAGTGAACCGGTTAAGAAAGTCTTCAAACT 6960
 |||||
 Db 6901 AGGAGTGTATGCTTGAAGAGCTTGCACAGAGTGAACCGGTTAAGAAAGTCTTCAAACT 6960
 |||||
 QY 6961 CCTGCTTCAACCACTGTTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCGGCTTGTGGAGCGGCTGA 7020
 |||||

Db 6961 CCCTTCTTACCACTGTTCTACAGTGGCCATGCCCCGCTGTTGGAGCAGGTGA 7020
Qy 7021 GTGTAAACCTTTCACTGCAATGTGATGCAATGACCCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAAACCTTTCACTGCAATGTGATGCAATGACCCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGA 7080
Qy 7081 TTTTACCCAGTTAACCTTCCCCAAAAGAGAGGTCTCTGAATGTCAGACGAAAGTTGGTCAC 7140
Db 7081 TTTTACCCAGTTAACCTTCCCCAAAAGAGAGGTCTCTGAATGTCAGACGAAAGTTGGTCAC 7140
Qy 7141 GGGTCAACACCGTTTCCAGTACGTACTAGGCCCCCGGATACCTTAAGATACGGGGAAAGGA 7200
Db 7141 GACTACAAACCGCTTCAAGTACGTACTAGGCCCCCGGATACCTTAAGATACGGGGAAAGGA 7200
Qy 7201 TTCCACTGATCAGCCCCCGGCAAAAGGCTTACAAAAGAAAGTTGGAAAGAGTGA 7260
Db 7201 TTCCACTGATCAGCCCCCGGCAAAAGGCTTACAAAAGAAAGTTGGAAAGAGTGA 7260
Qy 7261 TTCTGTGACAGATGAGCTACCTGGACCGACGTGATTAAGTTCAAACTGCTTCTAAAGT 7320
Db 7261 TTCTGTGACAGATGAGCTACCTGGACCGACGTGATTAAGTTCAAACTGCTTCTAAAGT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCACTACAGTGGTTTCTCTCAAAAGAAAGATGATGGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCACTACAGTGGTTTCTCTCAAAAGAAAGATGATGGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCGCGGGAGTGGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGCAACCTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCGCGGGAGTGGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGCAACCTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCCCATCATACCAACAGCAAGTAGATGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATCATACCAACAGCAAGTAGATGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTCAATGTGGGACTATGATGAGTAGCAGCTACACGCCCCCTTAAGTCTGTAAAGT 7560
Db 7501 CGGTGTCAATGTGGGACTATGATGAGTAGCAGCTACACGCCCCCTTAAGTCTGTAAAGT 7560
Qy 7561 CCACATCACTGGCTTTCGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGACGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCACATCACTGGCTTTCGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGACGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGACTTGCAGAGTGTGTGAGGAGGTGAGATACGAGTCAATTATCGGCAAACTGTGAT 7680
Db 7621 GGACTTGCAGAGTGTGTGAGGAGGTGAGATACGAGTCAATTATCGGCAAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCCAAAGAGAGAGGTCTTCTGTGAAGACCCCCCAAGAAACCAACAAACCCCCCAAG 7740
Db 7681 AGTTCCAAAGAGAGAGGTCTTCTGTGAAGACCCCCCAAGAAACCAACAAACCCCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTACCCCCCACTTGAAGATGATGTTGAGAAAGATGTACTACGGTCAAGT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTACCCCCCACTTGAAGATGATGTTGAGAAAGATGTACTACGGTCAAGT 7800
Qy 7801 TGCTCTGACAGTAAAGTGTGATGAGAGATGCGATGCGGTTTGTGAATCCAGTAC 7860
Db 7801 TGCTCTGACAGTAAAGTGTGATGAGAGATGCGATGCGGTTTGTGAATCCAGTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGGCTCTGTTGTGATGTGTCAACCGATGAGTCCGAGCCACATGCGATAC 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGGCTCTGTTGTGATGTGTCAACCGATGAGTCCGAGCCACATGCGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7980
Qy 7981 AGCAGCTAAACTCACTGACCAACACCGAGCTGACATTTCACACCATTTGGAGGAGTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTAAACTCACTGACCAACACCGAGCTGACATTTCACACCATTTGGAGGAGTTATA 8040
Qy 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTGTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCTAGGTGATGTC 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTGTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATCTAGGTGATGTC 8100

Qy 8101 TTCCGGGCTATATCTACCTTCAAGTTCACAGTTTGAACCTGTGGCTGAAGTAAATGC 8160
Db 8101 TTCCGGGCTATATCTACCTTCAAGTTCACAGTTTGAACCTGTGGCTGAAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGACAGGCTGACATGAAGAACCTTGGCTTCTTATTTTGGCGGATGATGAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGACAGGCTGACATGAAGAACCTTGGCTTCTTATTTTGGCGGATGATGAC 8220
Qy 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCCGGAGAGATGACAGAACCAACAGCAATGCGTCTTGTGCTAG 8280
Db 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCCGGAGAGATGACAGAACCAACAGCAATGCGTCTTGTGCTAG 8280
Qy 8281 CTGATGAGAGTGTAGGGTGCACCAAGATTTGTGTGCTTCAACCCCAATACAGTTTGA 8340
Db 8281 CTGATGAGAGTGTAGGGTGCACCAAGATTTGTGTGCTTCAACCCCAATACAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATCATGCTCATTAATTTTACTTCTGTGAATTAACAAAGTGGACCTTA 8400
Db 8341 AGAATTAACATCATGCTCATTAATTTTACTTCTGTGAATTAACAAAGTGGACCTTA 8400
Qy 8401 CTACTTTCTTAACAGAGATCCTGATCCCTGGAGGAGTCTGCGGAGGCTGAGG 8460
Db 8401 CTACTTTCTTAACAGAGATCCTGATCCCTGGAGGAGTCTGCGGAGGCTGAGG 8460
Qy 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGCTGATGAGTGGGATCTTAATCATCATCACTACCATGTTGTGGGT 8520
Db 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGCTGATGAGTGGGATCTTAATCATCATCACTACCATGTTGTGGGT 8520
Qy 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTTCATGAGACAGATGCTCTTTGAGCAAACTTCCGA 8580
Db 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTTCATGAGACAGATGCTCTTTGAGCAAACTTCCGA 8580
Qy 8581 GAGGCTGACCTTTGACTGTATGAGGAAATTAATACGGTGTCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Db 8581 GAGGCTGACCTTTGACTGTATGAGGAAATTAATACGGTGTCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCGTACACCAACGCTGA 8700
Db 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGATTTGAGGCTTTCTCGGTGTGCGTACACCAACGCTGA 8700
Qy 8701 GATCCTCAAGATTTCCCAATCATCATACAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATG 8760
Db 8701 GATCCTCAAGATTTCCCAATCATCATACAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATG 8760
Qy 8761 AAAGAAAGCAAGGGGAGTCCCTGCGCAGGCGCAAGAGGCTGGCGGAGACACGCAAAATT 8820
Db 8761 AAAGAAAGCAAGGGGAGTCCCTGCGCAGGCGCAAGAGGCTGGCGGAGACACGCAAAATT 8820
Qy 8821 GGCCTGCTTCTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTTACACAAATTTGATTAAGACGAG 8880
Db 8821 GGCCTGCTTCTCTCTGCGCATGCTACATCTAGACCTTACACAAATTTGATTAAGACGAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTCGGTACCACTTTCAATTAATGTGATGTTTATCTCCCGAGGGGAGTGTGTT 8940
Db 8881 CGTGGCTCGGTACCACTTTCAATTAATGTGATGTTTATCTCCCGAGGGGAGTGTGTT 8940
Qy 8941 TATTACACCAAGAGAAATGTCAGAGTTCCTGTGAAGTAATTTGGTGCATGTTT 9000
Db 8941 TATTACACCAAGAGAAATGTCAGAGTTCCTGTGAAGTAATTTGGTGCATGTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTAGGGCTCATGCTGTGTGATTAAGCATGAGCTGAACCCCAATTTCAAAATTA 9060
Db 9001 TGCCCTAGGGCTCATGCTGTGTGATTAAGCATGAGCTGAACCCCAATTTCAAAATTA 9060
Qy 9061 CTAAACAG---TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGACGGGCAACAGGGAGACCC 9116
Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCCGCAACAGGGAGACCC 9120
Qy 9117 GGGCTTAACAGACCCCGC 9133
Db 9121 GGGCTTAACAGACCCCGC 9137

```
RESULT 10
AAA55280
AAA55280 standard; DNA; 8912 BP.
XX
XX
AC AAA55280;
XX
XX 06-AUG-2003 (revised)
DT 30-AUG-2000 (first entry)
XX
XX Hepatitis GB virus B nucleotide sequence SEQ ID NO:11.
XX
XX Hepatitis GB virus; HGBV; diagnosis; therapeutic; immunogenic; infection;
KM detection; characterisation; hepatitis; ss.
XX
XX Hepatitis GB virus.
OS
XX
XX US6051374-A.
XX
XX 18-APR-2000.
PD
XX
XX 07-JUN-1995; 95US-00488445.
PF
XX
XX 14-FEB-1994; 94US-00196030.
PR
XX 13-MAY-1994; 94US-00242654.
PR
XX 29-JUL-1994; 94US-00283314.
PR
XX 23-NOV-1994; 94US-00344185.
PR
XX 23-NOV-1994; 94US-00344190.
PR
XX 30-JUN-1995; 95US-00377557.
XX
XX (ABBO ) ABBOTT LAB.
XX
XX Dawson GJ, Leary TP, Wuerhoff AS, Pilot-Matias TJ, Buik SL;
PI Mushahwar IK, Simons JN, Desai SM, Erker JC, Schlauder GG;
XX
XX MPI; 2000-338307/29.
XX
XX Detecting target hepatitis GB virus nucleic acid in a test sample
PT suspected of containing HGBV comprises reacting the test sample the HGBV
PT polynucleotide probe and detecting the complex that contains target HGBV.
XX
XX Example 4; Col 131-140; 369pp; English.
XX
XX The present invention describe a method for detecting target hepatitis GB
CC virus (HGBV) nucleic acid (THN) in a test sample (T) suspected of
CC containing HGBV. The method involves reacting (T) with a HGBV
CC polynucleotide probe (I) containing 15 contiguous nucleotides, and which
CC selectively hybridises to the HGBV genome or its full complement, and
CC detecting the complex that contains THN, indicating the presence of
CC target HGBV. The method is used for detecting target HGBV nucleic acid in
CC the test sample suspected of containing HGBV and for characterisation of
CC newly ascertained etiological agent of non-A, non-B, non-C, non-D and non
CC-E hepatitis causing agents collectively termed as hepatitis GB virus.
CC AAA55270 to AAA55489 and AAB08985 to AAB09480 represent nucleotide and
CC protein sequences used in the exemplification of the present invention.
CC (Updated on 06-AUG-2003 to correct OS field.)
XX
XX
SQ Sequence 8912 BP; 2019 A; 2169 C; 2265 G; 2400 T; 0 U; 59 Other;
Query Match 92.4%; Score 8684.6; DB 3; Length 8912;
Best Local Similarity 98.6%; Pred. No. 0;
Matches 8776; Conservative 56; Mismatches 57; Indels 10; Gaps 8;
QY 196 TGGGTTCGTCGTGTCGTGTCGTTCAGACCTCCACGCGCCACACCTCCGATGAGC 255
DB 11 TGGTTCGTCGTGTCGTGTCGTTCAGACCTCCACGCGCCACACCTCCGATGAGC 70
QY GGGGCACTGTAGGAAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGACGAGACCTCTTTTGA 315
DB 256 GGGGCACTGTAGGAAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGACGAGACCTCTTTTGA 315
DB 71 GGGGCACTGTAGGAAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGACGAGACCTCTTTTGA 130
QY 316 GTATCAGCCTTCGGAAGTAGTGGCGAAGCCCACTATATGTGTGGAGTGGTGGGT 375
|||||
```

```
DB 131 GTATCAGCCTTCGGAAGTAGTGGCGAAGCCCACTATATGTGTGGAGTGGTGGGT 190
QY 376 TAGCCATCATACCGTACTGCTGATAGAGGTCCTTGCAGAGGGATCTGGAGTCTGTAG 435
DB 191 TAGCCATCATACCGTACTGCTGATAGAGGTCCTTGCAGAGGGATCTGGAGTCTGTAG 250
QY 436 ACCGTAGCAGATGCTGTTATTTCTACTCAAAAGTCTGTACTGCGCCCAAGACGCG 495
DB 251 ACCGTAGCAGATGCTGTTATTTCTACTCAAAAGTCTGTACTGCGCCCAAGACGCG 310
QY 436 CAAGAACAGAGACAGCGGCTTCAATCTGTCATTTAAACATCGTTGAAAGGGG 555
DB 311 CAAGAACAGAGACAGCGGCTTCAATCTGTCATTTAAACATCGTTGAAAGGGG 370
QY 556 ACAAGAGCAAAAGCSCAAAGTCACAGCGGATGCTGCGCTGTAAATTAACAAATTGCTGG 615
DB 371 ACAAGAGCAAAAGCSCAAAGTCACAGCGGATGCTGCGCTGTAAATTAACAAATTGCTGG 430
QY 616 TATCCATGATGCTTGCAGACATTGCTCAGGCTGCTTGCAGCTCATGTGGGAGC 675
DB 431 TATCCATGATGCTTGCAGACATTGCTCAGGCTGCTTGCAGCTCATGTGGGAGC 490
QY 676 CCAAGACCTCGCCATAAGTCTCGCAATCTTGGAATCTCTGSAATTAACCTTTGGGGG 735
DB 491 CCAAGACCTCGCCATAAGTCTCGCAATCTTGGAATCTCTGSAATTAACCTTTGGGGG 550
QY 736 GATTGGTATGTTCAACTACACACCTCTAGTAGACCCGCTGTGAGAGAGCGGTCTGT 795
DB 551 GATTGGTATGTTCAACTACACACCTCTAGTAGACCCGCTGTGAGAGAGCGGTCTGT 610
QY 796 TCGACCAAGTCTGCGAATGATGACGCTTCTGAGAGATGAGATCAACTGGGCTACTGTGG 855
DB 611 TCGACCAAGTCTGCGAATGATGACGCTTCTGAGAGATGAGATCAACTGGGCTACTGTGG 670
QY 856 GTTCGGTGTCCACCTTTTGTGTATGTCTGTATCTTGGCTGCTCCCTGATAGGGGGC 915
DB 671 GTTCGGTGTCCACCTTTTGTGTATGTCTGTATCTTGGCTGCTCCCTGATAGGGGGC 730
QY 916 GGGGTGCACTGACCCAGACACAAATATACCAATCTGACCAATTTCTGACAGCTATATCA 975
DB 731 GGGGTGCACTGACCCAGACACAAATATACCAATCTGACCAATTTCTGACAGCTATATCA 790
QY 976 GGTATCTATATGTTCTCTTCCACTTGCCTACAGACGCTGTTGTGTATCTGTGCGGA 1035
DB 791 GGTATCTATATGTTCTCTTCCACTTGCCTACAGACGCTGTTGTGTATCTGTGCGGA 850
QY 1036 CGAGTGTGGGTTCGCGCAATCCGATACATCTACACCTTCCAAATGGAGTGGACAGGA 1095
DB 851 CGAGTGTGGGTTCGCGCAATCCGATACATCTACACCTTCCAAATGGAGTGGACAGGA 910
QY 1096 CTCCTTCTTGGGTGACCAATGATTTTGTATGAGGCGCTCTTGTGACCTGTGACGCGCT 1155
DB 911 CTCCTTCTTGGGTGACCAATGATTTTGTATGAGGCGCTCTTGTGACCTGTGACGCGCT 970
QY 1156 TGACATGATGATGTTGTGTGTGCTGTGTATTAAGTCGTGACCTGTGAGGACCTG 1215
DB 971 TGACATGATGATGTTGTGTGTGCTGTGTATTAAGTCGTGACCTGTGAGGACCTG 1030
QY 1216 GCTTATTAACATAGACCTCAATGAAGTGTACTTGTATACCGGAAGTCCCACTGGAAAT 1275
DB 1031 GCTTATTAACATAGACCTCAATGAAGTGTACTTGTATACCGGAAGTCCCACTGGAAAT 1090
QY 1276 AGATCTGCGGTTCTAGAGGTTTATGAGGATGAGGCGGCAAGGTGAGGCTGTACTCTT 1335
DB 1091 AGATCTGCGGTTCTAGAGGTTTATGAGGATGAGGCGGCAAGGTGAGGCTGTACTCTT 1150
QY 1336 CTGGAACAAATGCTTCAAGTACATGACCTATGCGACTATGTTAGAGGTGTACA 1395
DB 1151 CTGGAACAAATGCTTCAAGTACATGACCTATGCGACTATGTTAGAGGTGTACA 1210
QY 1396 CTACCTGGGCTGTGGCGCTGTGATCTACATGACCTCTCGGGGCAAGTGTATCAAGTGTCT 1455
DB 1211 CTACCTGGGCTGTGGCGCTGTGATCTACATGACCTCTCGGGGCAAGTGTATCAAGTGTCT 1270
|||||
```

1456 CCTACCGCTTATGCTTATACATAGAGCGACCTTGGAAAACCTTATCAGAGGTGCCCATCTG 1515
1271 CCTACCGCTTATGCTTATACATAGAGCGACCTTGGAAAACCTTATCAGAGGTGCCCATCTG 1330
1516 ATGCTCATATAGCTGATGTTTGTGCTCGCCCTTATGATATACCATGCTCTTGGCACTCTTATTT 1575
1331 ATGCTCATATAGCTGATGTTTGTGCTCGCCCTTATGATATACCATGCTCTTGGCACTCTTATTT 1390
1576 GAGTGAATGTGTGAGAAAGTCACTTGTATACAGTCCAAAGTGGACAGAGCCATCACTCT 1635
1391 GAGTGAATGTGTGAGAAAGTCACTTGTATACAGTCCAAAGTGGACAGAGCCATCACTCT 1450
1636 AGAGTATTAACAATCTCATATCTTGTGTACCCCTATACAAATCCCTGTGTGCGAGGAGTGTAT 1695
1451 AGAGTATTAABAATCTCATATCTTGTGTACCCCTATACAAATCCCTGTGTGCGAGGAGTGTAT 1510
1696 GGTAAATTCAAAATAACATGAGGTTTGTGCTGCGCTATTTGGCAATGTGCCATGCTACTGTG 1755
1511 GGTAAATTCAAAATAACATGAGGTTTGTGCTGCGCTATTTGGCAATGTGCCATGCTACTGTG 1569
1756 CACTATGGGCACTGATGAGAGTGTGAGACGACATCGGCAACTTACGAAAGTATGCGGTGT 1815
1570 CACTATGGGCACTGATGAGAGTGTGAGAGGACATGCGCAACTTACGAAAGTATGCGGTGT 1629
1816 AACACATAGCTTACACACCGCATGCGACACGCGCTCAGCCCTGAATTTGGCTATATTACA 1875
1630 AACACATAGCTTACACACCGCATGCGACACGCGCTCAGCCCTGAATTTGGCTATATTACA 1689
1876 ATACCTGTGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGATGTGAGCCATTTGTATTT 1935
1690 ATACCTGTGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGATGTGAGCCATTTGTATTT 1749
1936 TGAGGAGTCAAGTATACCCCTATATAGTTTACTTTATATACCTGTGATTCACATCTCCATCC 1995
1750 TGAGGAGTCAAGTATACCCCTATATAGTTTACTTTATATACCTGTGATTCACATCTCCATCC 1809
1996 ACCGAGAGTGGGCTAGGTTGCGCGGTACCCCATCTGTGTGATCGTGTCTTGGTTTACA 2055
1810 ACCGAGAGTGGGCTAGGTTGCGCGGTACCCCATCTGTGTGATCGTGTCTTGGTTTACA 1869
2056 GGTTCGCGAAGGTTTACATGATGTGAAAGACCTTACGCCACAGATTTGATACCAAGA 2115
1870 GGTTCGCGAAGGTTTACATGATGTGAAAGACCTTACGCCACAGATTTGATACCAAGA 1928
2116 CAAGACCTGGAATAATTAATCAGGTCTTATATTCGCGCAGGAGTGTGTCTCTTACCGG 2175
1929 CAAGACCTGGAATAATTAATCAGGTCTTATATTCGCGCAGGAGTGTGTCTCTTACCGG 1988
2176 AGTTACCAACAAGGCGGTGTGCTTAATCTGTGTGGGTTGTGTGACAGCAAGTATCTTAT 2235
1989 AGTTACCAACAAGGCGGTGTGCTTAATCTGTGTGGGTTGTGTGACAGCAAGTATCTTAT 2048
2236 TTACGCTTACCTCTGTATCTGTGCTTGTGTTTGGGCGCGCTTGTGTTACGCTTTCG 2295
2049 TTACGCTTACCTCTGTATCTGTGCTTGTGTTTGGGCGCGCTTGTGTTACGCTTTCG 2108
2296 TCCTGTGCTCCCATCTCCAGTGTATCTCCAACTGCGTGGGATGTTTGTCTTAAAGCTCA 2355
2109 TCCTGTGCTCCCATCTCCAGTGTATCTCCAACTGCGTGGGATGTTTGTCTTAAAGCTCA 2168
2356 AGTACCTCTCTTGTGCTTGAATTTTCTTATCTGTGTGCTATCTCCGCTCAGAGCTTACGTTA 2415
2169 AGTACCTCTCTTGTGCTTGAATTTTCTTATCTGTGTGCTATCTCCGCTCAGAGCTTACGTTA 2228
2416 TGCTGCTCTTGAAGGTTTGTGCCATGCGGCTGCGGCTTGTGCCCTTACTTCTTGTGTC 2475
2229 TGCTGCTCTTGAAGGTTTGTGCCATGCGGCTGCGGCTTGTGCCCTTACTTCTTGTGTC 2288
2476 AGCAGCTGTGCTCCCAACAGATTAATGATGCTGTGGGTGCGACTGTCAATGTGCGAGGGTTAGT 2535
2289 AGCAGCTGTGCTCCCAACAGATTAATGATGCTGTGGGTGCGACTGTCAATGTGCGAGGGTTAGT 2348

2536 TTGTGCGCGCGCGCTTAACCGTGTCAACCGCATAGCTCTGCTTGTAGTCTCTTGGCTCT 2595
2249 TTGTGCGCGCGCGCTGACCGTGTCA-CGATAGCTCTGCTTGTAGTCTCTTGGCTCT 2407
2596 GGTAGCGCTTT-TAACCTCTTGTGATTTGTGTTAGCGCGCTTGCAGCTTTTATACCGGA 2654
2408 GGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTTSTTACGCCCTGCTT-AGCTTTTACACCGGA 2466
2655 TAATTGGAGGCGTGAATATACACCTGTAGTATGATTTAGTGTCACTGCTGTTTGGCT 2714
2467 TAATTGGAGGCGTGAATATACACCTGTAGTATGATTTAGTGTCACTGCTGTTTGGCT 2526
2715 TCTTGTCACTTGTATCTGCTGTGTGCTTGTATGTTTACTCTTATCTTGGCAAGCTTGG 2774
2527 TCTTGTCACTTGTATCTGCTGTGTGCTTGTATGTTTACTCTTATCTTGGCAAGCTTGG 2586
2775 AGAATGTTTGTGAAGCTTACATTAAGACCGGAGAGGTTTTCCTTGTGCTGTTTGT 2834
2587 AGAATGTTTGTGAAGCTTACATTAAGACCGGAGAGGTTTTCCTTGTGCTGTTTGT 2646
2835 TCCCGGTGCGACATATGACCGCGTGTGACTTCTGTGTGTGTCACGTAAGCTCTTCTAT 2894
2647 TCCCGGTGCGACATATGACCGCGTGTGACTTCTGTGTGTGTCACGTAAGCTCTTCTAT 2706
2895 GTTTAATCCAGTGCAGCATGTTTCTTGTGGACTGACTCTTAAAGGCTTAAAGAA 2954
2707 GTTTAATCCAGTGCAGCATGTTTCTTGTGGACTGACTCTTAAAGGCTTAAAGAA 2766
2955 TGTGTGTCGCTCTGGAAGAGTGTATGCTGTGTATCTCATTTATGTTTATGTTTTC 3014
2767 TGTGTGTCGCTCTGGAAGAGTGTATGCTGTGTATCTCATTTATGTTTATGTTTTC 2826
3015 TCTTATGTTTGTGAGATGAGTGTGTTTCTTAAAGCACTTGATGATGATGCTTGC 3074
2827 TCTTATGTTTGTGAGATGAGTGTGTTTCTTAAAGCACTTGATGATGATGCTTGC 2886
3075 CTAAATGATTTTCTCGAAGTATACATTTGCAAGACCAATTTTCCCTTTGAAGGCAAG 3134
2887 CTAAATGATTTTCTCGAAGTATACATTTGCAAGACCAATTTTCCCTTTGAAGGCAAG 2946
3135 CAAGGCTCTATAGAAATGAAGAGACGCTTGGGCTGTGGGACACGCTTATGTTTGC 3194
2947 CAAGGCTCTATAGAAATGAAGAGACGCTTGGGCTGTGGGACACGCTTATGTTTGC 3006
3195 CCGTTGTGCGCGCTCGGCGACCTTGTGCGAGGTTGCTATGCGGCAAGTGGT 3254
3007 SCGTTGTGCGCGCTCGGCGACCTTGTGCGAGGTTGCTATGCGGCGCAAGTGGT 3066
3255 GGGCATTTACCGCACCTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAACGTTGCGACGCTGTGACGA 3314
3067 GGGCATTTACCGCACCTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAACGTTGCGACGCTGTGACGA 3126
3315 TGGCAGTGTATATACCTGTATTAAGACCCCGCACTTGGACTTGAACCTATCTTCAATTAG 3374
3127 TGGCAGTGTATATACCTGTATTAAGACCCCGCACTTGGACTTGAACCTATCTTCAATTAG 3186
3375 GATCTGCGGCACTAGCTAATGAGATTTGTTGTGCAAGAGTGTATCTGCTCAC 3434
3187 GATCTGCGGCACTAGCTAATGAGATTTGTTGTGCAAGAGTGTATCTGCTCAC 3246
3435 ATGCGAGAGAGGCGCGGTTGTGCTATCCCAAGGCTTATACCAATTAACCGTTG 3494
3247 ATGCGAGAGAGGCGCGGTTGTGCTATCCCAAGGCTTATACCAATTAACCGTTG 3306
3495 ACGCGGCTATATGACAGAGCATCTATCAACCAATGTGAGCTGTGCTTACTCGGT 3554
3307 ACGCGGCTATATGACAGAGCATCTATCAACCAATGTGAGCTGTGCTTACTCGGT 3366
3555 GCTCTGCGGAGGAGCAAGAGGCTATCTGTGAACAGCATGCGGCTTGTGAGGCTCA 3614
3367 GCTCTGCGGAGGAGCAAGAGGCTATCTGTGAACAGCATGCGGCTTGTGAGGCTCA 3426
3615 ACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGGCGCTTCCATGCTGTGCGAAG 3674

Db 3427 ACPAAATCCGATACCTTATATGATGATGCGGGCCCTTCCATGCTGTGGCAAG 3486
Qy 3675 GTTCTTCAGAGTCCCGGATTCGTGCTCTCCGGGCGATGTTATGGAGATGTTCAACGGCTG 3734
Db 3487 GTTCTTCAGAGTCCCGGATTCGTGCTCTCCGGGCGATGTTATGGAGATGTTCAACGGCTG 3546
Qy 3735 CTAGAATTCGAGCGGTTCAGTCAGTCAATTAAGGTTAGCCGTTGCTGTGCTGAT 3794
Db 3547 CTAGAATTCGAGCGGTTCAGTCAGTCAATTAAGGTTAGCCGTTGCTGTGCTGAT 3606
Qy 3795 ACCATCCCGAGTACACAGACATGCACTCTTGATACAAACCTTCTGCTTAACGAGT 3854
Db 3607 ACCATCCCGAGTACACAGACATGCACTCTTGATACAAACCTTCTGCTTAACGAGT 3666
Qy 3855 ATTCAAGTGAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGACGGGCAAGTCAACCAATTAACCACTT 3914
Db 3667 ATTCAAGTGAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGACGGGCAAGTCAACCAATTAACCACTT 3726
Qy 3915 CTTAATGACAGAGAAATGATGAGTCTTGTCTTAATCCAGTGTGCTTACACAGCAT 3974
Db 3727 CTTAATGACAGAGAAATGATGAGTCTTGTCTTAATCCAGTGTGCTTACACAGCAT 3786
Qy 3975 CAATGCCAAAGTACATGACACGGGAGCTAAGCGGTGAATCCAAATTTCTTAAATGGA 4034
Db 3787 CAATGCCAAAGTACATGACACGGGAGCTAAGCGGTGAATCCAAATTTCTTAAATGGA 3846
Qy 4035 AATGTACCAACAAGGGGCTTCACTTAAGTACAGCAATATGAGCATGTACTGACGGAG 4094
Db 3847 AATGTACCAACAAGGGGCTTCACTTAAGTACAGCAATATGAGCATGTACTGACGGAG 3906
Qy 4095 CATGTCCCGGAACTATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCCATGCTACCGATGCAACCA 4154
Db 3907 GATGTCCCGGAACTATGATGTAATCATTTGTGACGAATGCCATGCTACCGATGCAACCA 3966
Qy 4155 CCGTGTGGGCAATTGGAAGAGTCTTACCGAAGCTTCATCCAAATTTGTAAGCTTAGTG 4214
Db 3967 CCGTGTGGGCAATTGGAAGAGTCTTACCGAAGCTTCATCCAAATTTGTAAGCTTAGTG 4026
Qy 4215 TTCTTGACACGGGTACCCCCCTGGAGTAATGCCCTACACACATGCGCAATTAAGTGA 4274
Db 4027 TTCTTGACACGGGTACCCCCCTGGAGTAATGCCCTACACACATGCGCAATTAAGTGA 4086
Qy 4275 TTCAATTAACCGATGGAAGCACTATCCCTTTCATGGAATAAAAGATTAAGAAGAAATC 4334
Db 4087 TTCAATTAACCGATGGAAGCACTATCCCTTTCATGGAATAAAAGATTAAGAAGAAATC 4146
Qy 4335 TGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACACTGTGATGAGCTTGCTA 4394
Db 4147 TGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACACTGTGATGAGCTTGCTA 4206
Qy 4395 AGAGTACTGGAAGGGAATAAGCTGTCTTACTACTAGGGGATGACATCTCAA 4454
Db 4207 AGAGTACTGGAAGGGAATAAGCTGTCTTACTACTAGGGGATGACATCTCAA 4266
Qy 4455 AATTCCTGAGGCGCATGTGTAGTAGTTGCGCACTGATGCTTGTGTGACAGGATCACTG 4514
Db 4267 AATTCCTGAGGCGCATGTGTAGTAGTTGCGCACTGATGCTTGTGTGACAGGATCACTG 4326
Qy 4515 GTGACTTTATTCCTGTGTATGACTGACGCTCATGTGTAAGGACATGCAATGTTAAAGGC 4574
Db 4327 GTGACTTTATTCCTGTGTATGACTGACGCTCATGTGTAAGGACATGCAATGTTAAAGGC 4386
Qy 4575 TTGACCTTACTTTCACATGAGGTTGCTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATGTTAAAGGC 4634
Db 4387 TTGACCTTACTTTCACATGAGGTTGCTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATGTTAAAGGC 4446
Qy 4635 AGGTAAGGGGCGCACAGGCGGTGAGAGAGCTGACATATACTATGTAAGCGGAGTT 4694
Db 4447 AGGTAAGGGGCGCACAGGCGGTGAGAGAGCTGACATATACTATGTAAGCGGAGTT 4506
Qy 4695 GTACCCCTTGGGATGATGTTCTGAATGCAACTTTGTAAGCTTGCACGACGCAAG 4754

Db 4507 GTACCCCTTGGGATATGATGTTCTGATATGCAACATTTGTAAGCTTTCAGACGACGCAAG 4566
Qy 4755 CATGTATATGTTTGTATCAACAGAAAGTCAAACTATTTGTGACACTATGCAACCCAAC 4814
Db 4567 CATGTATATGTTTGTATCAACAGAAAGTCAAACTATTTGTGACACTATGCAACCCAAC 4626
Qy 4815 CTGGTTTACTGCGGATAGAGCAATTTGGAACGATGGGCTGATCTCTTTCTATAGTGA 4874
Db 4627 CTGGTTTACTGCGGATAGAGCAATTTGGAACGATGGGCTGATCTCTTTCTATAGTGA 4686
Qy 4875 ACCCGAATCTTCAATTTGTCAATATGCAAAAAAAGACTGTGACAAATTAATGTTTGTGA 4934
Db 4687 ACCCGAATCTTCAATTTGTCAATATGCAAAAAAAGACTGTGACAAATTAATGTTTGTGA 4746
Qy 4935 CTGACGCCCACTACAACTGTGTCAATGATGCTATGCTGTCTCCAAATGACGACAC 4994
Db 4747 CTGACGCCCACTACAACTGTGTCAATGATGCTATGCTGTCTCCAAATGACGACAC 4806
Qy 4995 GGTGACAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGTTCTGTGGGCTTGGACGGG 5054
Db 4807 GGTGACAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGTTCTGTGGGCTTGGACGGGCT 4866
Qy 5055 CTGACGCTGTCTGTGACGAGCCGAGAGGTGACCAATATGCTTCACTG 5114
Db 4867 CTGACGCTGTCTGTGACGAGCCGAGAGGTGACCAATATGCTTCACTG 4926
Qy 5115 AAGTCAATATCTTCTGGAACAAGCCGCACTGCTGTTGCGGTTGAGTGTGCTATGCTTATC 5174
Db 4927 AAGTCAATATCTTCTGGAACAAGCCGCACTGCTGTTGCGGTTGAGTGTGCTATGCTTATC 4986
Qy 5175 TAGCCATTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTATTAATCAAGTCC 5234
Db 4987 TAGCCATTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTATTAATCAAGTCC 5046
Qy 5235 CTACCGGTGCTACTGTGCGCCCAAGTGTGACGAAGAATAATGAGAGAGTGACAT 5294
Db 5047 CTACCGGTGCTACTGTGCGCCCAAGTGTGACGAAGAATAATGAGAGAGTGACAT 5106
Qy 5295 CATTCATTCCTTGGAGGCGCATGTGTGCTGCAATGATTAAGTGAAGTCAATCAACA 5354
Db 5107 CATTCATTCCTTGGAGGCGCATGTGTGCTGCAATGATTAAGTGAAGTCAATCAACA 5166
Qy 5355 CAACTAGTCTTTCACATTTGGAACCGCCCTTGAAAAAATTAAACCTTCTTGGGCTTC 5414
Db 5167 CAACTAGTCTTTCACATTTGGAACCGCCCTTGAAAAAATTAAACCTTCTTGGGCTTC 5226
Qy 5415 ATGAGCTACCAATCTTGCTATCATAGATATGCTGTGTTAATGACTTAACCTGACA 5474
Db 5227 ATGAGCTACCAATCTTGCTATCATAGATATGCTGTGTTAATGACTTAACCTGACA 5286
Qy 5475 ATCCCTTGCATCATGCGTGTGTTGCTTCAATGCGGATTAATCAACCCCATCTGACA 5534
Db 5287 ATCCCTTGCATCATGCGTGTGTTGCTTCAATGCGGATTAATCAACCCCATCTGACA 5346
Qy 5535 AGATCAAAATGCTCTGTATATTTTGAAGGCGCAATTTGCGTCAAGCTTAAGAGCTGA 5594
Db 5347 AGATCAAAATGCTCTGTATATTTTGAAGGCGCAATTTGCGTCAAGCTTAAGAGCTGA 5406
Qy 5595 GAGGGGCACTGGCGTTCAATGATGAGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTGTGTAATGACAT 5654
Db 5407 GAGRGCACTGGCGTTCAATGATGAGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTGTGTAATGACAT 5466
Qy 5655 CCGTGGGTTTGTCTTGTGACATGTAAGCGGATATGCTGCGGCTCATGCACTGCTTGT 5714
Db 5467 CCGTGGGTTTGTCTTGTGACATGTAAGCGGATATGCTGCGGCTCATGCACTGCTTGT 5526
Qy 5715 TGAATTTAAATGCTTGAATGAGTGAAGTGGCCCACTATGATAGCTGTGTTAGTCT 5774
Db 5527 TGAATTTAAATGCTTGAATGAGTGAAGTGGCCCACTATGATAGCTGTGTTAGTCT 5586
Qy 5775 ACTCGCGTTCAATCCGGCGGAGAGTTGTGGGCGCTTGTCAAGCTTGTGCAATGTTTG 5834
Db 5587 ACTCGCGTTCAATCCGGCGGAGAGTTGTGGGCGCTTGTCAAGCTTGTGCAATGTTTG 5646

QY 5835 CTTTGACAAACAGAGGCGCAGATCACTGCGCCCAACAGATTCTTAATAATGCTTGTGATAGA 5894
DB 5647 CTTTGACAAACAGAGGCGCAGATCACTGCGCCCAACAGATTCTTAATAATGCTTGTGATAGA 5706
QY 5895 GGAACACTGTATGTATGATAGTACTTTATGTCACATCTGTCACATCCGACAGAAAGATACG 5954
DB 5707 GGAACACTGTATGTATGATAGTACTTTATGTCACATCTGTCACATCCGACAGAAAGATACG 5766
QY 5955 GCATTCTGAGAGGATCTACCCCTGAGAGTCAATACATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6014
DB 5767 GCATTCTGAGAGGATCTACCCCTGAGAGTCAATACATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5826
QY 6015 CCGGACGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6074
DB 5827 CCGGACGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5886
QY 6075 GGAATTTCTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6134
DB 5887 GGAATTTCTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5946
QY 6135 TTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6194
DB 5947 TTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6006
QY 6195 GTATGCTCCAGACAGCTGTCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTCTGTTGAGAAATGAT 6254
DB 6007 GTATGCTCCAGACAGCTGTCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTCTGTTGAGAAATGAT 6066
QY 6255 TTGCAAACTTTTCAAAAGAGACCCAGAACTTTGTTCAATTAATCTGAGAGAGGCTGTTCCAG 6314
DB 6067 TTGCAAACTTTTCAAAAGAGACCCAGAACTTTGTTCAATTAATCTGAGAGAGGCTGTTCCAG 6126
QY 6315 TCAACGCTAGAGCTGATGCGGTGCGGTAGACCGGACCACTGATTTGAGCTAGCTGTCG 6374
DB 6127 TCAACGCTAGAGCTGATGCGGTGCGGTAGACCGGACCACTGATTTGAGCTAGCTGTCG 6186
QY 6375 TCAATTTATGCGCTTGAAGGACTACTGTAATATGAGAAATGAGAGATCAATTTTGTGA 6434
DB 6187 TCAATTTATGCGCTTGAAGGACTACTGTAATATGAGAAATGAGAGATCAATTTTGTGA 6246
QY 6435 CAGCAGATCTCTTCCAAATGCTGTTTCAACCCAGGTGCGGCAACTTTGAGAGCTGCA 6494
DB 6247 CAGCAGATCTCTTCCAAATGCTGTTTCAACCCAGGTGCGGCAACTTTGAGAGCTGCA 6306
QY 6495 TGGCGGTGAGCGCGTACAGGTTCACTGATCTAGAGTGAAGCCCAAACTCCTTGGAGAG 6554
DB 6307 TGGCGGTGAGCGCGTACAGGTTCACTGATCTAGAGTGAAGCCCAAACTCCTTGGAGAG 6366
QY 6555 CATCTGCTTGTCTGTAACGCTCTGACGAGTAAAGGTTAACTGTAAAGCTTCCCTCCG 6614
DB 6367 CATCTGCTTGTCTGTAACGCTCTGACGAGTAAAGGTTAACTGTAAAGCTTCCCTCCG 6426
QY 6615 TTGACGCTACACACCTGCTGTCGCGATGCACTTAATTTGCGTATGCACTTGAACA 6674
DB 6427 TTGACGCTACACACCTGCTGTCGCGATGCACTTAATTTGCGTATGCACTTGAACA 6486
QY 6675 ATGACGTAAATCCCAAAACACACTCCTAGTAAAGCCGCAATGTCCTGCTTGTG 6734
DB 6487 ATGACGTAAATCCCAAAACACACTCCTAGTAAAGCCGCAATGTCCTGCTTGTG 6546
QY 6735 TCAAAACAGAGATGCGCGCTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTCAGCTGCGTGA 6794
DB 6547 TCAAAACAGAGATGCGCGCTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTCAGCTGCGTGA 6606
QY 6795 CCACCAAACTGCGCAGCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCC 6851
DB 6607 CCACCAAACTGCGCAGCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCCCTCC 6666
QY 6852 GGGCAAGAACTGCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCT 6911
DB 6667 GGGCAAGAACTGCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCTTACCT 6726

QY 6912 GTCTGAAAGCCTGCAACGAAGTACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACTCCTCCTCTCAC 6971
DB 6727 GTCTGAAAGCCTGCAACGAAGTACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACTCCTCCTCTCAC 6786
QY 6972 CACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCGGCTTGTGAGAGGCTGATGATACCTT 7031
DB 6787 CACCTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCGGCTTGTGAGAGGCTGATGATACCTT 6846
QY 7032 TCACTGCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7091
DB 6847 TCACTGCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 6906
QY 7092 ACCCTCCCAAAAGAGAGTCTCTGATGTCAGACGAAGTGTGTCAGCGCTACACCG 7151
DB 6907 ACCCTCCCAAAAGAGAGTCTCTGATGTCAGACGAAGTGTGTCAGCGCTACACCG 6966
QY 7152 TTTCAGTACGTTACTGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG 7211
DB 6967 TTTCAGTACGTTACTGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG 7026
QY 7212 CAGCCCGCGCAAAACGCGCTACAAAGAAAGTGGAAAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7271
DB 7027 CAGCCACCGCAAAACGCGCTACAAAGAAAGTGGAAAGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7086
QY 7272 TGAAGTACACCTGACCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7331
DB 7087 TGAAGTACACCTGACCGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7146
QY 7332 CTGCGGCGCATACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7391
DB 7147 CTGCGGCGCATACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7206
QY 7392 GGGATGCGGAGCTTGAAGAAACAAAGATCACTATTAATGAGCAACCTCTGTCGCCCAT 7451
DB 7207 GGGATGCGGAGCTTGAAGAAACAAAGATCACTATTAATGAGCAACCTCTGTCGCCCAT 7266
QY 7452 CATACCAACAAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7511
DB 7267 CATACCAACAAAGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7326
QY 7512 GGGAT 7571
DB 7327 GGGAT 7386
QY 7572 GCGTTCGCGGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7631
DB 7387 GCGTTCGCGGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7446
QY 7632 AGTGTGTCAGAGGCAAGTGAATACCGAGTCAATTATCGCAAACTGTGATGATGATGATGATGATGAT 7691
DB 7447 AGTGTGTCAGAGGCAAGTGAATACCGAGTCAATTATCGCAAACTGTGATGATGATGATGATGATGAT 7506
QY 7692 AGAGAGTTTGTGTAAGACCCCGCAAGAAACCAACAAAGAAACCCCGCAAGGCTTATCTGCT 7751
DB 7507 AGAGAGTTTGTGTAAGACCCCGCAAGAAACCAACAAAGAAACCCCGCAAGGCTTATCTGCT 7566
QY 7752 ACCCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7811
DB 7567 ACCCCCACTTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7626
QY 7812 TAGTTAAAGCTGTCAATGAGAGATGCGATGCGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7871
DB 7627 TAGTTAAAGCTGTCAATGAGAGATGCGATGCGGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7686
QY 7872 GTCTGTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7931
DB 7687 GTCTGTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7746
QY 7932 ACAGTACATACACCCGAGATATCAATGATGAGAGACAGATCACTACAGAGCTAAAC 7991
DB 7747 ACAGTACATACACCCGAGATATCAATGATGAGAGACAGATCACTACAGAGCTAAAC 7806
QY 7992 TCAAGTACCAACACCGAGCTGCAATTCACACCAATTCGAGGACGATTAATACGCTGAGAGAC 8051

Query Match 92.4%; Score 8683.4; DB 2; Length 8912;
 Best Local Similarity 98.6%; Pred. No. 0;
 Matches 8776; Conservative 54; Mismatches 59; Indels 10; Gaps 8;

QY 136 TGGGTTCCGTTGGTGGCGCTTTTATAGCAGCCTCCACGCCCAACCTCCAGATAGAC 255
 Db 11 TGGGTTCCGTTGGTGGCGCTTTTATAGCAGCCTCCACGCCCAACCTCCAGATAGAC 70
 QY 256 GCGGCACTGTAGGAGAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGAGAGACCTTTTGA 315
 Db 71 GCGGCACTGTAGGAGAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGAGAGACCTTTTGA 130
 QY 316 GTATACCGCTCCGGAAGTAGTTGGCAAGCCACCTATATGTGTGGATGGTGGGT 375
 Db 131 GTATACCGCTCCGGAAGTAGTTGGCAAGCCACCTATATGTGTGGATGGTGGGT 190
 QY 376 TAGCCATCCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGGGATCTGGAGTCTGTAG 435
 Db 191 TAGCCATCCATACCGTACTGCTGATAGGGTCTTGGAGGGGATCTGGAGTCTGTAG 250
 QY 436 ACCGTAGCAGCATGCGCTGTATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACCTGGGCGGAGAGCG 495
 Db 251 ACCGTAGCAGCATGCGCTGTATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACCTGGGCGGAGAGCG 310
 QY 496 CAGAACAAGCAGAGACGCGCTTCATATCTGTGTTCATTAAACATCTGTGAAAGGG 555
 Db 311 CAGAACAAGCAGAGACGCGCTTCATATCTGTGTTCATTAAACATCTGTGAAAGGG 370
 QY 556 ACAACGAGCAAGCCGAAAGTCCAGGCGAGTCTGGGCTCGTAATTACAAATTTGCTGG 615
 Db 371 ACAACGAGCAAGCCGAAAGTCCAGGCGAGTCTGGGCTCGTAATTACAAATTTGCTGG 430
 QY 616 TATCATGATGCTGCTTGAGACATTTGGCTCAGGCTGTTTGCAGCTCATAGTTGGGGAG 675
 Db 431 TATCATGATGCTGCTTGAGACATTTGGCTCAGGCTGTTTGCAGCTCATAGTTGGGGAG 490
 QY 676 CCAAGACCTCCGCAATAGTCTGCAATCTTGAATCCCTTGTGATTAACCTTTGGGGTG 735
 Db 491 CCAAGACCTCCGCAATAGTCTGCAATCTTGAATCCCTTGTGATTAACCTTTGGGGTG 550
 QY 736 GATTGGTGAATTTTAACTACACACCTCTAGTAGGCGCGCTGGTGGCAGAGCGGTCT 795
 Db 551 GATTGGTGAATTTTAACTACACACCTCTAGTAGGCGCGCTGGTGGCAGAGCGGTCT 610
 QY 796 TCGACCACTGTCGCAATAGTACGCTGTGAGAGATGATCACTGGGCTACAGTTG 855
 Db 611 TCGACCACTGTCGCAATAGTACGCTGTGAGAGATGATCACTGGGCTACAGTTG 670
 QY 856 GTTCGGTGCACCTTTTGT 915
 Db 671 GTTCGGTGCACCTTTTGT 730
 QY 916 GCGGGTCACTGACCCAGACAAATACCAATCTGTGACCAATGCTGTGACCGTATCA 975
 Db 731 GCGGGTCACTGACCCAGACAAATACCAATCTGTGACCAATGCTGTGACCGTATCA 790
 QY 976 GGTATATATATTTTCTCTCTTCACTTGTCTACAGAGCTGGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1035
 Db 791 GGTATATATATTTTCTCTCTTCACTTGTCTACAGAGCTGGTGTGTGTGTGTGTGTGT 850
 QY 1036 CGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTAATCTCACACCTTCCAAATTTGAGTGGACGGA 1095
 Db 851 CGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGTAATCTCACACCTTCCAAATTTGAGTGGACGGA 910
 QY 1096 CTCCTTCTTGGCTGACCAATTTTGTATAGGCGCTCTGTGACCTGTGACCGCT 1155
 Db 911 CTCCTTCTTGGCTGACCAATTTTGTATAGGCGCTCTGTGACCTGTGACCGCT 970
 QY 1156 TGAATTTGGTGAATTTGT 1215
 Db 971 TGAATTTGGTGAATTTGT 1030

QY 1216 GCTATTCAATAGACCTCAATGAAGCTGTATCTTGTATCTGTGAAGTGGCCACTGGAA 1275
 Db 1031 GCTATTCAATAGACCTCAATGAAGCTGTATCTTGTATCTGTGAAGTGGCCACTGGAA 1090
 QY 1276 AGATCTGGGTTCCAGGGTTTATTCGGGTGATGAGCGGCGCAAGGTGAGGCTGTACTT 1335
 Db 1091 AGATCTGGGTTCCAGGGTTTATTCGGGTGATGAGCGGCGCAAGGTGAGGCTGTACTT 1150
 QY 1336 CTTCAGCAATCTGCTTCAAGATACATACGCTATTCGATATGTTAGCAGGTGTACA 1395
 Db 1151 CTTCAGCAATCTGCTTCAAGATACATACGCTATTCGATATGTTAGCAGGTGTACA 1210
 QY 1396 CTACCTGGCGGTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGCAAGTGTATCAGTTGCT 1455
 Db 1211 CTACCTGGCGGTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCGGGCAAGTGTATCAGTTGCT 1270
 QY 1456 CCTAGCGCTTATGCTTTCATAGAGAGACCTGTGAAACCTATCAGGGTGGCCACTGG 1515
 Db 1271 CCTAGCGCTTATGCTTTCATAGAGAGACCTGTGAAACCTATCAGGGTGGCCACTGG 1330
 QY 1516 ATGCTCAATAGCTGAGTTTGTCTCGCTTGTGATGATACATGCTCTTGCACCTTATTT 1575
 Db 1331 ATGCTCAATAGCTGAGTTTGTCTCGCTTGTGATGATACATGCTCTTGCACCTTATTT 1390
 QY 1576 GAGTGAAGTGTGAGAGATCATTTTGTACAGTCCAAAGTGGACCAAGGCTATCACTCT 1635
 Db 1391 GAGTGAAGTGTGAGAGATCATTTTGTACAGTCCAAAGTGGACCAAGGCTATCACTCT 1450
 QY 1636 AGAGTATTAACAATCTCATATCTTGTATACCCCTATCAATCCCTGTGTGGAGAGATGAT 1695
 Db 1451 AGAGTATTAACAATCTCATATCTTGTATACCCCTATCAATCCCTGTGTGGAGAGATGAT 1510
 QY 1696 GATTAAATTTCAAAAATAACATGAGGGTGTCTGCGGTATGTCAGATGTGCAATCTGACTG 1755
 Db 1511 GATTAAATTTCAAAAATAACATGAGGGTGTCTGCGGTATGTCAGATGTGCAATCTGACTG 1569
 QY 1756 CACTATGAGGCACTGATGAGTGTGAGCAACACTGCAACACTTACGAAGTATGCGGT 1815
 Db 1570 CACTATGAGGCACTGATGAGTGTGAGCAACACTGCAACACTTACGAAGTATGCGGT 1629
 QY 1816 AACACATGAGGCTAACACCCGATGAGCAACAAGGCTCACCCCTGGAATTTGGCTATTA 1875
 Db 1630 AACACATGAGGCTAACACCCGATGAGCAACAAGGCTCACCCCTGGAATTTGGCTATTA 1689
 QY 1876 ATACCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTGAGGCACTTGTATTT 1935
 Db 1690 ATACCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTGAGGCACTTGTATTT 1749
 QY 1936 TGAAGGATCAATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTGAATTCACACTCTCTAC 1995
 Db 1750 TGAAGGATCAATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCCCTGTGAATTCACACTCTCTAC 1809
 QY 1996 ACCGAGAGGTGGGCTAGTGGCCCGGTACCCCACTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2055
 Db 1810 ACCGAGAGGTGGGCTAGTGGCCCGGTACCCCACTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1869
 QY 2056 GGTTCGGAAGGGTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTAGCAAGATTTGATCACCAAGA 2115
 Db 1870 GGTTCGGAAGGGTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTAGCAAGATTTGATCACCAAGA 1928
 QY 2116 CAAGGCTGGAATAATATACAGTCTTATTTCCGCAAGGCTGCTTGTCTTACGGG 2175
 Db 1929 CAAGGCTGGAATAATATACAGTCTTATTTCCGCAAGGCTGCTTGTCTTACGGG 1988
 QY 2176 AGTTACCAACCAAGGCGGT 2235
 Db 1989 AGTTACCAACCAAGGCGGT 2048
 QY 2236 TTTAGCCATACCTGTCTTACTTGTGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2295
 Db 2049 TTTAGCCATACCTGTCTTACTTGTGCTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2108
 QY 2296 TCTGTGTCTCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGTGGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2355

Db 2109 TCCGTGCTCCATCCAGTCGATCTCAAGCTGCTGGAGTGTGTGCTAAAGCTCA 2168
Qy 2356 AGTAGCTCCTTTGCTTTGATTTTCTTCACTGTGCTACTCTCCGTGAGGCTACGTTA 2415
Db 2169 AGTAGCTCCTTTGCTTTGATTTTCTTCACTGTGCTACTCTCCGTGAGGCTACGTTA 2228
Qy 2416 TGCCTGCTTTTAAAGGTTTGTGCTGAGCTGCGGCTTCCCTTAACTTTCTTTGTGC 2475
Db 2229 TGCCTGCTTTTAAAGGTTTGTGCTGAGCTGCGGCTTCCCTTAACTTTCTTTGTGC 2288
Qy 2476 AGAGCTGCTGCCCAACCAAGATTATGACGTGCGGCTGACGTCTGTGCGAGGGTTACT 2535
Db 2289 AGAGCTGCTGCCCAACCAAGATTATGACGTGCGGCTGACGTCTGTGCGAGGGTTACT 2348
Qy 2536 TTTGTGCGCGCGCGCTTAACCGTGTACCGCATAGCTGTGTTGATGCTTGGCTCT 2595
Db 2349 TTTGTGCGCGCGCGCTTAACCGTGTACCGCATAGCTGTGTTGATGCTTGGCTCT 2407
Qy 2596 GGTAGCGCTTT-TAACCTCTTGTGATTTGTGTTACGCTGCTTCAAGCTTTGATCCGAGA 2654
Db 2408 GGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTGTTACGCTGCTTCAAGCTTTGATCCGAGA 2466
Qy 2655 TAATTGGAAGGCTGACAATAACCACTGTAGTAGCATTTAGTGTGATGCTCGTTGGCT 2714
Db 2467 TAATTGGAAGGCTGACAATAACCACTGTAGTAGCATTTAGTGTGATGCTCGTTGGCT 2526
Qy 2715 TCTTTGCTCACTTTTACCTCGCTGTGTGTTAGTTAACTCTTGTGGAACGTTGGG 2774
Db 2527 TCTTTGCTCACTTTTACCTCGCTGTGTGTTAGTTAACTCTTGTGGAACGTTGGG 2586
Qy 2775 AGAATTGTTTTGGAACGTTTACCTAAGAACCGGAGAGTTTTTCTTTGTGTGTGTT 2834
Db 2587 AGAATTGTTTTGGAACGTTTACCTAAGAACCGGAGAGTTTTTCTTTGTGTGTGTT 2646
Qy 2835 TCCCGCGTGCAGATATGACGCGCTGTGATCTTCTGTGTGTGACAGTACCTCTTAT 2894
Db 2647 TCCCGCGTGCAGATATGACGCGCTGTGATCTTCTGTGTGTGACAGTACCTCTTAT 2706
Qy 2895 GTTTAATCATCAGTGCAGATCTTCTTTGGACTGACTCTAGGGTTAGGGCCCATAGAA 2954
Db 2707 GTTTAATCATCAGTGCAGATCTTCTTTGGACTGACTCTAGGGTTAGGGCCCATAGAA 2766
Qy 2955 TGTGTGTGCTCTCGAAAGTGTCACTGTGTGTATTTCTCATTAATGTTCTTAACTTTTCC 3014
Db 2767 TGTGTGTGCTCTCGAAAGTGTCACTGTGTGTATTTCTCATTAATGTTCTTAACTTTTCC 2826
Qy 3015 TCTTATGTTTGTGTGAATGTGTGTGTTTCTAATAAGCACTTGATGTGTGCTG 3074
Db 2827 TCTTATGTTTGTGTGAATGTGTGTGTTTCTAATAAGCACTTGATGTGTGCTG 2886
Qy 3075 CTATATGTTTGTCTCGAAACTACATTCGAAAGCATTTTCCCTTTTGAAGGCAAG 3134
Db 2887 CTATATGTTTGTCTCGAAACTACATTCGAAAGCATTTTCCCTTTTGAAGGCAAG 2946
Qy 3135 CAAGGCTATAGAAATGAAGAAAGCTGTGTGTGGAACACGCTTGTGTGCTG 3194
Db 2947 CAAGGCTATAGAAATGAAGAAAGCTGTGTGGAACACGCTTGTGTGCTG 3006
Qy 3195 CCGTGTGTGTGCTCTCGGAGCACTTGTGCAAGGTTGTGTGCTGCAAGGCTG 3254
Db 3007 CCGTGTGTGTGCTCTCGGAGCACTTGTGTTTGTGCAAGGTTGTGTGCTGCAAGGCTG 3066
Qy 3255 GGGCCATTACCGCACTTTTACCTGCAAGTCTCTCTGAACGTGCAAGCTGTGCAAG 3314
Db 3067 GGGCCATTACCGCACTTTTACCTGCAAGTCTCTCTGAACGTGCAAGCTGTGCAAG 3126
Qy 3315 TGGCAGTGTGCTGACTGTGTATAGACCCCGGAACTTGTGACTGGAATCTTCAATAG 3374
Db 3127 TGGCAGTGTGCTGACTGTGTATAGACCCCGGAACTTGTGACTGGAATCTTCAATAG 3186
Qy 3375 GATCTCTGCGCATTAAGTATGGAATTTGTTGTGCAACGTTGTGTATACGTGCTCAC 3434

Db 3187 GATCTCTGCGCATAGCTACATGGAGTTTGTGTGCAACGTTGTGATACGTCTCAC 3246
Qy 3435 ATGGACGAAGGGGCGCGGTTGGCTCATCCACAGGCTCTATPACCAATACCGTTG 3494
Db 3247 ATGGACGAAGGGGCGCGGTTGGCTCATCCACAGGCTCTCAATACCAATACCGTTG 3306
Qy 3495 AGCGGCTATATGACCAAGCATCTATCCAAACCAATGTGAGCTGCTGCTTACCTG 3554
Db 3307 AGCGGCTATATGACCAAGCATCTATCCAAACCAATGTGAGCTGCTGCTTACCTG 3366
Qy 3555 GCTCTTGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTATACAGACTGGGGTCAATGTTAGGTGA 3614
Db 3367 GCTCTTGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTATACAGACTGGGGTCAATGTTAGGTGA 3426
Qy 3615 ACAAAATCCGATGACCTTTATTTGTGTGTGTGCGGGGCTTCCCATGCTGTTGCCAAG 3674
Db 3427 ACAAAATCCGATGACCTTTATTTGTGTGTGTGCGGGGCTTCCCATGCTGTTGCCAAG 3486
Qy 3675 GTTCTTCAGTGTGCGGATTTCTGTGCTCTCGGGCATGTATATGGGAATGTTCAACGCTG 3734
Db 3487 GTTCTTCAGTGTGCGGATTTCTGTGCTCTCGGGCATGTATATGGGAATGTTCAACGCTG 3546
Qy 3735 CTAGAAATCTGCGGTTCACTCAGTCAAGATTAGGGTTAGCGGCTGTGTGCTGAT 3794
Db 3547 CTAGAAATCTGCGGTTCACTCAGTCAAGATTAGGGTTAGCGGCTGTGTGCTGAT 3606
Qy 3795 ACCATCCCGATGACACAGACATGCGACTCTTGTATCAAAACCTTACTGTGCTTACGAGT 3854
Db 3607 ACCATCCCGATGACACAGACATGCGACTCTTGTATCAAAACCTTACTGTGCTTACGAGT 3666
Qy 3855 ATTCACTGCAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGAGCGGCAAGTCAACAAATTAACAATT 3914
Db 3667 ATTCACTGCAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGAGCGGCAAGTCAACAAATTAACAATT 3726
Qy 3915 CTATCATGAGAGAGATATGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGTGCTTACCAACAGAT 3974
Db 3727 CTATCATGAGAGAGATATGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGTGCTTACCAACAGAT 3786
Qy 3975 CAATGCCAAAGTATCATGACGCGGACGTACGCGGTGATCCAAATTTGTTAATGGCA 4034
Db 3787 CAATGCCAAAGTATCATGACGCGGACGTACGCGGTGATCCAAATTTGTTAATGGCA 3846
Qy 4035 AATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGCGATGTACCTGACCGGAG 4094
Db 3847 AATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGCGATGTACCTGACCGGAG 3906
Qy 4095 CATGTCCCGGAATATGATGTATCATTTGTGACGAATGCGATGCTACCGATGCAACCA 4154
Db 3907 CATGTCCCGGAATATGATGTATCATTTGTGACGAATGCGATGCTACCGATGCAACCA 3966
Qy 4155 CCGTGTGTGGCAATGGAAAGTCTTAACCGAAAGCTTCATCCAAATTTGTTAGGCTGTG 4214
Db 3967 CCGTGTGTGGCAATGGAAAGTCTTAACCGAAAGCTTCATCCAAATTTGTTAGGCTGTG 4026
Qy 4215 TTTCTTGCCACGCGCTACCCCCCTGAGATATCCCTACACACATGCAACATPACGAGA 4274
Db 4027 TTTCTTGCCACGCGCTACCCCCCTGAGATATCCCTACACACATGCAACATPACGAGA 4086
Qy 4275 TTCAATTAACGATGAGGCACTATCCCTTTCATGAGAAAGAAAGATTAGAGAGAAATC 4334
Db 4087 TTCAATTAACGATGAGGCACTATCCCTTTCATGAGAAAGAAAGATTAGAGAGAAATC 4146
Qy 4335 TGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTTACCAAAAACCTGTGATGAGCTTGTCA 4394
Db 4147 TGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTTACCAAAAACCTGTGATGAGCTTGTCA 4206
Qy 4395 AGAGTTAGCTGGAAGGGAATPACAGCTGTCTTACTATAGGGATGTGACATCTCAA 4454
Db 4207 AGAGTTAGCTGGAAGGGAATPACAGCTGTCTTACTATAGGGATGTGACATCTCAA 4266
Qy 4455 AATCCCTGAGGCGCATGTGTATAGTTGCCATGTATGCTTGTGTACAGGGTACACTG 4514
Db 4267 AATCCCTGAGGCGCATGTGTATAGTTGCCATGTATGCTTGTGTACAGGGTACACTG 4326

4515 GTGACCTTGAATCCGCTGATGATGCTGACGCTCATGATGAGGACATGCCATGTTGACC 4574
4327 GAGACTTTGATTCGGGTATGATGCTGACGCTCATGATGAGGACATGCTGTTGACCC 4386
4575 TTGACCCCTTACCTTACCATGAGGTGTTCTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATGTTAAAGCC 4634
4387 TTGACCCCTTACCTTACCATGAGGTGTTCTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATGTTAAAGCC 4446
4635 AGCGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGGAGAGCTGGGATATATCTATGATGAGCGGGAGTT 4694
4447 AGCGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGGAGAGCTGGGATATATCTATGATGAGCGGGAGTT 4506
4695 GTACCCCTTGGGATATGTTTCTGTAATGACCAATTTGAAAGCTTTCAGACGACGCAAG 4754
4507 GTACCCCTTGGGATATGTTTCTGTAATGACCAATTTGAAAGCTTTCAGACGACGCAAG 4566
4755 CATGTAATGTTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGAGACACTATGCGACCCAA 4814
4567 CATGTAATGTTTGTATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGAGACACTATGCGACCCAA 4626
4815 CTGGGTTTACCTGAGATGAGGACAAATTTGAGAGAGTGGGCTGATCTCTTTCTATGTC 4874
4627 CTGGGTTTACCTGAGATGAGGACAAATTTGAGAGAGTGGGCTGATCTCTTTCTATGTC 4686
4875 ACCCGGAACCTTCATTTGTCAATCTGCAAAAAGACTGTCGACAAATATGTTTGTGA 4934
4687 ACCCGGAACCTTCATTTGTCAATCTGCAAAAAGACTGTCGACAAATATGTTTGTGA 4746
4935 CTGACGCCCACTACAACTGTGTCAATGATGCTATGCTGCTCCAAATGACGACAC 4994
4747 CTGACGCCCACTACAACTGTGTCAATGATGCTATGCTGCTCCAAATGACGACAC 4806
4995 GGTGGCAGGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACCCTTGTGGGGTTCGTGGCGCTTGGACGCG 5054
4807 GGTGGCAGGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACCCTTGTGGGGTTCGTGGCGCTTGGACGCG 4866
5055 CTGACGCCCTGCTGAGCCAGAGCCAGAGGAGTGAACGATACCAAAATGCTTCACTG 5114
4867 GTGACGCCCTGCTGAGCCAGAGCCAGAGGAGTGAACGATACCAAAATGCTTCACTG 4926
5115 AAGTCAATATCTTCTGGGACAGCGCACTGCTGTGGGCTTGGAGTGGCTATGCTTATC 5174
4927 AAGTCAATATCTTCTGGGACAGCGCACTGCTGTGGGCTTGGAGTGGCTATGCTTATC 4986
5175 TAGCATTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTATGATGATGCTC 5234
4987 TAGCATTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGCGGCTTGTGCTATGATGATGCTC 5046
5235 CTACCGGTGCTACGTGTGCGCCAGTGGTTGACGAAGAAATGTTGAGAGGAGTGGAT 5294
5047 CTACCGGTGCTACGTGTGCGCCAGTGGTTGACGAAGAAATGTTGAGAGGAGTGGAT 5106
5295 CATTCATTCCCTTGGAGGCGCATGTTGTGTCGAATGATAGCTGAAGATCAATCACA 5354
5107 CATTCATTCCCTTGGAGGCGCATGTTGTGTCGAATGATAGCTGAAGATCAATCACA 5166
5355 CAATGATCTTTCATCATTTGAAACCGCCCTTGA AAAAATTAAACCTTTCTTGGGCTC 5414
5167 CAATGATCTTTCATCATTTGAAACCGCCCTTGA AAAAATTAAACCTTTCTTGGGCTC 5226
5415 ATGAGCATACATCTTGTGTAATGATAGATATGTTGTGTTTATCTTAACTTAACTGACA 5474
5227 ATGAGCATACATCTTGTGTAATGATAGATATGTTGTGTTTATCTTAACTTAACTGACA 5286
5475 ATCCCTTTCATCATGCGTGTGTTGCTTTCATATGCGGATATTAATCACTCCACTGACA 5534
5287 ATCCCTTTCATCATGCGTGTGTTGCTTTCATATGCGGATATTAATCACTCCACTGACA 5346
5535 AGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGAGGCGCAATGCGTCAAGCTTACAGACGCTA 5594
5347 AGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGAGGCGCAATGCGTCAAGCTTACAGACGCTA 5406

5595 GAGGCGCATGCGGCTTCAATGATGCGCGGGGCTGCGGAAACAGCTTGTGTAATGACAT 5654
5407 GAGGCGCATGCGGCTTCAATGATGCGCGGGGCTGCGGAAACAGCTTGTGTAATGACAT 5466
5655 CCGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCGGCTTCACTGCTTGTCT 5714
5467 CCGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAGCGGCTATGCTGCGGCTTCACTGCTTGTCT 5526
5715 TGACATTTAAATGCTTGAATGGGTGAGTGGCCCACTATGATGATGAGCTTGTGTTAGTCT 5774
5527 TGACATTTAAATGCTTGAATGGGTGAGTGGCCCACTATGATGATGAGCTTGTGTTAGTCT 5586
5775 ACTCGCGTTCAATCCGCGCGCAGAGATTGGGCGCTTGTCACTGTGTGCAATGTTTG 5834
5587 ACTCGCGTTCAATCCGCGCGCAGAGATTGGGCGCTTGTCACTGTGTGCAATGTTTG 5646
5835 CTTTGACAAACAGCAGGCGCAATCACTGCGCCCAACAGACTTTTACTATGCTTGTAGGA 5894
5647 CTTTGACAAACAGCAGGCGCAATCACTGCGCCCAACAGACTTTTACTATGCTTGTAGGA 5706
5895 GCAACACTGTATGTAATGATGATCTTATTTGCACTGAGACATCCGACAGGAATATGCG 5954
5707 GCAACACTGTATGTAATGATGATCTTATTTGCACTGAGACATCCGACAGGAATATGCG 5766
5955 GCATTTCTGAGGCAATCAACCCCTGAGTGTCAATACAGCTTGACATCCGTTGCTTCA 6014
5767 GCATTTCTGAGGCAATCAACCCCTGAGTGTCAATACAGCTTGACATCCGTTGCTTCA 5826
6015 CCCCAGCGAGATGATATGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAGATTTGGCAGTATGCT 6074
5827 CCCCAGCGAGATGATATGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAGATTTGGCAGTATGCT 5886
6075 GCAATTTCTTGTATGATTTGCTTTAATGCTTAAATGCTGAGGTTGAGAGCATGTTAA 6134
5887 GCAATTTCTTGTATGATTTGCTTTAATGCTTAAATGCTGAGGTTGAGAGCATGTTAA 5946
6135 TTCCGTGTTGCTTTTCTTCAACAGCTGCCAGAAAGGCTTAAAGGCGCCCTGATTTGATCAG 6194
5947 TTCCGTGTTGCTTTTCTTCAACAGCTGCCAGAAAGGCTTAAAGGCGCCCTGATTTGATCAG 6006
6195 GTATGCTCAAGACAGCTGTCCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTCTGTGGAATGCTT 6254
6007 GTATGCTCAAGACAGCTGTCCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTCTGTGGAATGCTT 6066
6255 TTGCAAACTTTTCAAAAGAACCCAGAACTTGTCAAATTAATCTGAGAGAGGCTTCCAG 6314
6067 TTGCAAACTTTTCAAAAGAACCCAGAACTTGTCAAATTAATCTGAGAGAGGCTTCCAG 6126
6315 TCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGCGCTAGACCGGACCCAACTGATTTGACTAGTCTTGTG 6374
6127 TCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGCGCTAGACCGGACCCAACTGATTTGACTAGTCTTGTG 6186
6375 TCAATTAATGCGGTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGAGGATCACTTTTGTGA 6434
6187 TCAATTAATGCGGTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGAGGATCACTTTTGTGA 6246
6435 CAGCAGTATCTCTTCCAAATGTCTGTTCAACCCAGGTGCGCCCACTTTGAGAGCTGAG 6494
6247 CAGCAGTATCTCTTCCAAATGTCTGTTCAACCCAGGTGCGCCCACTTTGAGAGCTGAG 6306
6495 TGGCGGTGAGAGGAGTACAGGTTCAAGTATCTGATGAGGCGCAAACTCCTTGGAGCA 6554
6307 TGGCGGTGAGAGGAGTACAGGTTCAAGTATCTGATGAGGCGCAAACTCCTTGGAGCA 6366
6555 CATCTGCTTGTGTTACGCTCTGACGCTTAAGGTTAAACTGTTAAGCTTCCCTTCCGCG 6614
6367 CATCTGCTTGTGTTACGCTCTGACGCTTAAGGTTAAACTGTTAAGCTTCCCTTCCGCG 6426
6615 TTGACGCTGACACACCTGCTGTGCGCATGCACTTAATTTGCGTATGATGACTTGAACA 6674
6427 TTGACGCTGACACACCTGCTGTGCGCATGCACTTAATTTGCGTATGATGACTTGAACA 6486
6675 ATGACTGTAATTTCCAAACAAACACTCTCTATGATGAGGCGGCACTGCTGCTTGT 6734

Db 6487 ATGACGTATATTCATAAACAACACTCTAGATGATAAGCCGAGTGTCCGCTCTTGTT 6546
Qy 6735 TCAAAACAGAGTTCGCGCGCTAGCAAAACCAATTGCTTJAGGCAATTTTCAGTCGGGTGACA 6794
Db 6547 TCAAAACAGAGTTCGCGCGCTAGCAAAACCAATTGCTTJAGGCAATTTTCAGTCGGGTGACA 6606
Qy 6795 CCACCAACTGCGCAGCCCTCC -- ATCGAAGAGTGTGTAGAGAAAGCCGAGTTCC 6851
Db 6607 CCACCAACTGCGCAGCCCTCCAGATCGAAGAGTGTGTAGAGAAAGCCGAGTTCC 6666
Qy 6852 GGGCAAGAACTGGTTCGCTTACCTTGGCTCCCTCCCGAGATCCGCGCCAGAGTGTCT 6911
Db 6667 GGGCAAGAACTGGTTCGCTTACCTTGGCTCCCTCCCGAGATCCGCGCCAGAGTGTCT 6726
Qy 6912 GTCTGAAAGCCCTGCAACGAAGTGACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACTCCCTCTTCAAC 6971
Db 6727 GTCTGAAAGCCCTGCAACGAAGTGACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACTCCCTCTTCAAC 6786
Qy 6972 CACTGTCTTACAGTTGGCCATGCGATGCCCCCTGTGGAGCGGAGTGTAAACCTT 7031
Db 6787 CACTGTCTTACAGTTGGCCATGCGATGCCCCCTGTGGAGCGGAGTGTAAACCTT 6846
Qy 7032 TCACGTCAATTTGGAATGTGAAAGACCGAAACAGCGGAGCCCTGTATGATTTAACCCAGTT 7091
Db 6847 TCACGTCAATTTGGAATGTGAAAGACCGAAACAGCGGAGCCCTGTATGATTTAACCCAGTT 6906
Qy 7092 ACCCTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGGTCAAGCAAGATTGATGCAAGGCTACACACCG 7151
Db 6907 ACCCTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGGTCAAGCAAGATTGATGCAAGGCTACACACCG 6966
Qy 7152 TTTCCAGCTACGTTACTGCGCCCCCGTACCTTAAGTACGGGAAAGATTCCACTCACT 7211
Db 6967 CTTCAGCTACGTTACTGCGCCCCCGTACCTTAAGTACGGGAAAGATTCCACTCACTCACT 7026
Qy 7212 CAGCCCCCGCAAAACGGCCTTACAAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGTTCGTGACAGA 7271
Db 7027 CAGCCCCCGCAAAACGGCCTTACAAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGTTCGTGACAGA 7086
Qy 7272 TGAGCTACACCTGGAACGAGCTTAGCTTCAAACTGCTTCTAAGTTCTGTGACAA 7331
Db 7087 TGAGCTACACCTGGAACGAGCTTAGCTTCAAACTGCTTCTAAGTTCTGTGACAA 7146
Qy 7332 CTCGGGCAATCACTAGTGGTTCTCTCAAACAAAGATCATTTGTGTATGTGACTGACCCG 7391
Db 7147 CTCGGGCAATCACTAGTGGTTCTCTCAAACAAAGATCATTTGTGTATGTGACTGACCCG 7206
Qy 7392 GGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTTTAATAGACAACTCTGTTCCGCCCAT 7451
Db 7207 GGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTTTAATAGACAACTCTGTTCCGCCCAT 7266
Qy 7452 CATACACAAGCAAGTAGAGTTGGCTTAGGAAAAAAGCTTCAAAAGTTGTCCGAGTCACT 7511
Db 7267 CATACACAAGCAAGTAGAGTTGGCTTAGGAAAAAAGCTTCAAAAGTTGTCCGAGTCACT 7326
Qy 7512 GGGACTATGATGAGTAGAGCTCACACGCCCTTAAGTCTGTAGTCCCATCATCTG 7571
Db 7327 GGGACTATGATGAGTAGAGCTCACACGCCCTTAAGTCTGTAGTCCCATCATCTG 7386
Qy 7572 GCTTTGGGGCACTGATGTTTCGTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCTGACATTGACAA 7631
Db 7387 GCTTTGGGGCACTGATGTTTCGTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCTGACATTGACAA 7446
Qy 7632 AGTGTGAGGAGGAGGAGATACGAGTCACTTATGCGCAAACTGTGATAGTTCCAAAG 7691
Db 7447 AGTGTGAGGAGGAGGAGATACGAGTCACTTATGCGCAAACTGTGATAGTTCCAAAG 7506
Qy 7692 AGGAGTCTTCTGTGAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTG 7751
Db 7507 AGGAGTCTTCTGTGAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTG 7566
Qy 7752 ACCCCCACTTGAATGAGATGTTGTGAGAAAGTGTACTACGCTCAGTGTCTCTGAG 7811

Db 7567 ACCCCCACTTGAATGAGATGTTGTGAGAAAGTGTACTACGCTCAGTGTCTCTGAG 7626
Qy 7812 TAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGCGTACCGGTTTGTAGATCAAGTACCCGTGTCAAG 7871
Db 7627 TAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGCGTACCGGTTTGTAGATCAAGTACCCGTGTCAAG 7686
Qy 7872 GTCTTTGTTCGATGTGTGTACCCCGATGAGTGGAGCCACATGCCATACAGTGTGTTTG 7931
Db 7687 GTCTTTGTTCGATGTGTGTACCCCGATGAGTGGAGCCACATGCCATACAGTGTGTTTG 7746
Qy 7932 ACAGTACCATCACACCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTTACTGACAGCTTAAC 7991
Db 7747 ACAGTACCATCACACCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTTACTGACAGCTTAAC 7806
Qy 7992 TCAGTACCAACACCGAGCTGGCATTCACACATTTGCGAGGCAAGTTATACGCTGAGAGAC 8051
Db 7807 TCAGTACCAACACCGAGCTGGCATTCACACATTTGCGAGGCAAGTTATACGCTGAGAGAC 7866
Qy 8052 CGATGATGCGTTATGATGGCCGAGAGATCGGATATCGTATGATGATGCTTCCGGCGTCT 8111
Db 7867 CGATGATGCGTTATGATGGCCGAGAGATCGGATATCGTATGATGATGCTTCCGGCGTCT 7926
Qy 8112 ATACTACCTCAAGTTCACAAACAGTTTGAACCTGCTGAGGTTAAATGCTGACGCCGAAC 8171
Db 7927 ATACTACCTCAAGTTCACAAACAGTTTGAACCTGCTGAGGTTAAATGCTGACGCCGAAC 7986
Qy 8172 AGCTGGAGATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGCGGCGATGATGACCGTAAATTTGCA 8231
Db 7987 AGCTGGAGATGAAGAACCTCGCTTCTTATTTGCGGCGATGATGACCGTAAATTTGCA 8046
Qy 8232 AGAGCGCGGAGCAATGTGACAGCAAAACAGCAATCGTGTCTTTGTACTGTGATGAAG 8291
Db 8047 AGAGCGCGGAGCAATGTGACAGCAAAACAGCAATCGTGTCTTTGTACTGTGATGAAG 8106
Qy 8292 TGATGGGTGACACCAAGATTGTGTGCTCAACCCCAATACAGTTTGAAGATTTAATCAT 8351
Db 8107 TGATGGGTGACACCAAGATTGTGTGCTCAACCCCAATACAGTTTGAAGATTTAATCAT 8166
Qy 8352 CATGCTCATCAATGTATACCTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTACTTCTTTA 8411
Db 8167 CATGCTCATCAATGTATACCTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCTTACTTCTTTA 8226
Qy 8412 CAAGATATCTGTATATCCCTTTGGCAGGTGCTGCGGAGGCTGGGATACAAACCCA 8471
Db 8227 CAAGATATCTGTATATCCCTTTGGCAGGTGCTGCGGAGGCTGGGATACAAACCCA 8286
Qy 8472 GTGCTGCGGATGTGGGTATCTAATACATCACTACCATGTTTGTGGTAAAGCGTGTGT 8531
Db 8287 GKGCGCGGATGTGGGTATCTAATACATCACTACCATGTTTGTGGTAAAGCGTGTGT 8346
Qy 8532 TGGCTGTCCATTTCAATGAGCAGATGCTCTTTGAGAGCAAACTTCCGAGACGCTGACCT 8591
Db 8347 TGGCTGTCCATTTCAATGAGCAGATGCTCTTTGAGAGCAAACTTCCGAGACGCTGACCT 8406
Qy 8592 TTGACTGTGATGGGAAAAATTTAAGGTGCGCTGTGAAGATCTGCCACATCATTTGCTG 8651
Db 8407 TTGACTGTGATGGGAAAAATTTAAGGTGCGCTGTGAAGATCTGCCACATCATTTGCTG 8466
Qy 8652 GTGTGACGAGTATTAAGGCTTTCTCGGTGTGCGCTACACAAACGCTGAGATCTCTGAG 8711
Db 8467 GTGTGACGAGTATTAAGGCTTTCTCGGTGTGCGCTACACAAACGCTGAGATCTCTGAG 8526
Qy 8712 TTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCCCTGCGAGCTGGCAAGAAAGCCA 8771
Db 8527 TTTCCCAATCACTAACAGACATGACCATGCCCCCTGCGAGCTGGCAAGAAAGCCA 8586
Qy 8772 GGGCGGTCTCGCCACGCGCAAGAGCGGTGGGAGACACGGAATTTGGCTCGCTCC 8831
Db 8587 GGGCGGTCTCGCCACGCGCAAGAGCGGTGGGAGACACGGAATTTGGCTCGCTCC 8645
Qy 8832 TTCTGTGATGCTACATTAAGCTCTTACAGATTTGATTAAGACGAGCGTGTCTCGT 8891
Db 8646 TTCTGTGATGCTACATTAAGCTCTTACAGATTTGATTAAGACGAGCGTGTCTCGT 8705

QY 8892 ACACCACTTTGATTTGATGTTTACTCCCGAGGGAGTGTATTATACACCAC 8951
 DB 8706 ACACCACTTTGATTTGATGTTTACT-CCCSGAGGGAGTGTATTATACACCAC 8764
 QY 8952 AGAAGATTCGAGACTTTCTGTGACGATTTGCTGATGTTTGGCCCTAGGGC 9011
 DB 8765 AGAAGATTCGAGACTTTCTGTGACGATTTGCTGATGTTTGGCCCTAGGGC 8824
 QY 9012 TCATTGCTGTGATTCAGCATCAGCTGAACCCCAATTCAATTAACAGTTT 9071
 DB 8825 TCATTGCTGTGATTCAGCATCAGCTGAACCCCAATTCAATTAACAGTTT 8884
 QY 9072 TTTTGT 9090
 DB 8885 TTTTGT 8903
 RESULT 12
 ADA77751
 ID ADA77751 standard; RNA; 8069 BP.
 AC ADA77751;
 XX
 DT 20-NOV-2003 (first entry)
 XX
 DE Hepatitis GB virus B subgenomic neo-RepD replicon RNA sequence.
 XX
 KM neo-RepD; GB virus-B; GBV-B; replicon; autonomous replication; NS3-NS5B;
 KM HCV; hepatitis C virus; antiviral; anti-HCV;
 KM neomycin phosphotransferase gene; neo; ss.
 XX
 OS Hepatitis GB virus B.
 XX
 FH Key Location/Qualifiers
 FT 5'UTR 1..445
 FT /tag= a
 FT 446..1315
 FT /tag= b
 FT /product= "Core-neo fusion protein"
 FT misc_signal 1324..1934
 FT /tag= c
 FT /label= IRES
 FT /note= "IRES= Internal ribosome entry site of the
 FT encephalomyocarditis virus, drives translation of the GBV
 FT -B NS region"
 FT 1935..7712
 FT /tag= d
 FT /product= "GBV-B polypeptide NS3-NS5B"
 FT /note= "NS= non structural protein"
 FT 5940..7712
 FT /tag= e
 FT /partial
 FT /product= "Non structural protein 5B (NS5B)"
 FT /note= "NS5B is an RNA dependent RNA polymerase; Start
 FT codon is absent"
 FT 7710..8069
 FT 3'UTR /tag= f
 FT
 XX WO2003059944-A2.
 XX
 XX 24-JUL-2003.
 XX
 XX 13-JAN-2003; 2003WO-EP000281.
 XX
 XX 15-JAN-2002; 2002US-0348573P.
 XX
 XX 06-JUN-2002; 2002US-0386655P.
 XX
 XX (RICE-) IST RICERCHIE BIOL MOLECOLARE ANGELETTI.
 XX
 XX De Tommasi A, Graziani R, Paonessa G, Traboni C,
 XX WPI, 2003-598503/56.
 XX

XX New GB virus B (GBV-B) replicon for identifying compounds that inhibit
 PT GBV-B or hepatitis C virus, comprises a GBV-B 5' UTR, a selection or
 PT reporter sequence, an internal ribosome entry site, an NS3-NS5B sequence,
 PT and a GBV-B 3' UTR.
 XX
 XX Claim 1; Fig 1; 81pp; English.
 PS
 CC This invention relates to a novel GB virus-B (GBV-B) replicon and
 CC replicon enhanced cells. A GBV-B replicon is an RNA molecule able to
 CC autonomously replicate in a cultured cell to produce detectable levels of
 CC one or more GBV-B proteins. Specifically, it may comprise the GBV-B 5'
 CC UTR, GBV-B structural region, selection or reporter sequence, internal
 CC ribosome entry site, NS3-NS5B sequence, and GBV-B 3' UTR. Accordingly,
 CC they are useful in providing tools for studying GBV-B replication,
 CC polypeptide production and processing, identifying compounds that inhibit
 CC GBV-B, providing a surrogate model for identifying compounds that inhibit
 CC HCV, and providing a scaffold for producing GBV-B/HCV chimeric replicons.
 CC Due to the similarity between GBV-B and the hepatitis C virus (HCV),
 CC compounds that inhibit GBV-B may be useful antiviral agents, specifically
 CC anti-HCV agents. The GBV-B subgenomic replicon constructs termed GBV-B-
 CC neo-RepD (neo-RepD), neo-RepB, neo-RepC and neo-RepD were produced by
 CC replacing the regions coding for structural proteins and the NS2 protein
 CC with the sequences of neomycin phosphotransferase gene (neo) and
 CC encephalomyocarditis virus (EMCV) internal ribosome entry site (IRES) in
 CC the plasmid pJ3/pACV177. This polynucleotide sequence is the subgenomic
 CC neo-RepD replicon sequence of the invention.
 XX
 SQ Sequence 8069 BP; 1663 A; 2075 C; 2136 G; 0 T; 1995 U; 0 Other;
 Query Match 64.7%; Score 6081.6; DB 9; Length 8069;
 Best Local Similarity 74.2%; Pred. No. 0;
 Matches 4551; Conservative 1557; Mismatches 24; Indels 2; Gaps 1;
 QY 3266 GCACCTTTACGCTCAGCTGTCTCTGAACTGGCAGCTGTACGCTGAGCTGTC 3325
 DB 1938 GCACCTTTACGCTCAGCTGTCTCTGAACTGGCAGCTGTACGCTGAGCTGTC 1997
 QY 3326 ATGACTGTATGAGACCCCGAAGCTGAGTGAATCTTCAATTAAGATCTCGGCC 3385
 DB 1998 AUGACUGGUAUAGACCCCGAAGCTGAGTGAATCTTCAATTAAGATCTCGGCC 2057
 QY 3386 ACTAGCTACATGAGATTGTTGTGACAACTGTTGTATATCTTCAATTAAGATCTCGGCC 3445
 DB 2058 ACTAGCTACATGAGATTGTTGTGACAACTGTTGTATATCTTCAATTAAGATCTCGGCC 2117
 QY 3446 GGGCGCCGGTGGCTATCCCAAGAGCTGTATATCAACCAATTAAGATCTCGGCC 3505
 DB 2118 GGGCGCCGGTGGCTATCCCAAGAGCTGTATATCAACCAATTAAGATCTCGGCC 2177
 QY 3506 GACGAGCATCTATCAACCAAGAGCTGTATATCAACCAATTAAGATCTCGGCC 3565
 DB 2178 GACGAGCATCTATCAACCAAGAGCTGTATATCAACCAATTAAGATCTCGGCC 2237
 QY 3566 GAGACCAAGGGGTATCTGTGTAACAGAGTGGGTATCTGTTGAGGTCAACCAATTCGAT 3625
 DB 2238 GAGACCAAGGGGTATCTGTGTAACAGAGTGGGTATCTGTTGAGGTCAACCAATTCGAT 2297
 QY 3626 GACCTTATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAAGAGCTGTGTTCCCAAGAGTCTTCAAGT 3685
 DB 2298 GACCTTATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAAGAGCTGTGTTCCCAAGAGTCTTCAAGT 2357
 QY 3686 GCGCGATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAAGAGCTGTGTTCCCAAGAGTCTTCAAGT 3745
 DB 2358 GCGCGATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAAGAGCTGTGTTCCCAAGAGTCTTCAAGT 2417
 QY 3746 GCGCGATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAAGAGCTGTGTTCCCAAGAGTCTTCAAGT 3805
 DB 2418 GCGCGATTTGTTGTGTGTGCGGGGCTTCCCAAGAGCTGTGTTCCCAAGAGTCTTCAAGT 2477
 QY 3806 TACACAGCAATGCACTCTTGTATCAAACTACTGCTTCAAGATTAAGTCAAGTCA 3865
 DB 2478 TACACAGCAATGCACTCTTGTATCAAACTACTGCTTCAAGATTAAGTCAAGTCA 2537


```
QY      8246 GATGCAACAACAAGCAATGCGTCTTTGCTAGTGTAGTAAGTGTAGTGGGTGACCA 8305
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      6918 GAUUGCAACAACAAGCAUUGGUGUUCUUGCAUGUGAUGAUGUUGGUGACCA 6977
QY      8306 CAAGATTGTGTGCTTCACCAAAATTCAGTTTGAAGAATTAACTCATGCTCATCAAT 8365
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      6978 CAAGAUGUGUGUCUCAACCAAAUACAUGUUGAAGAAUUAACAUCAGUGCUCACAAU 7037
QY      8366 GTTACCTCGTAATTACAAAAGGCAAGCTTACTACTTCTTAACAGAGATCCTCGT 8425
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7038 GUUACCUUCGAAUUDCAAAAAGUGCAAGCCUUAUCUUCUUAACAAGAAUCCUCU 7097
QY      8426 ATCCCTCTGGAGAGTGTCTGTGCGAGGCTGTGGAGTACAAACCCAGTGTCTGTGATT 8485
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7098 ATCCCTCTGGAGAGTGTCTGTGCGAGGCTGTGGAGTACAAACCCAGTGTCTGTGATT 8485
QY      8486 GGGTATCTAATACATCACTAACCTTTGTGGTTTGTGGTTTGTGGTTTGTGGTTTGTG 8545
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7158 GGGUUAUUAUACAUCACUACCAUUGUUGUGGUAAGCGUGUGUUGGUGUUGGUGUUG 7217
QY      8546 ATGGAGCAGATGCTTTTGAAGACAACTCCGAGAGCGGTGACCTTGTGATGTATGAG 8605
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7218 ATGGAGCAGATGCTTTTGAAGACAACTCCGAGAGCGGTGACCTTGTGATGTATGAG 8605
QY      8606 AAAAATTATACGAGTGTCTGTAGAGATCTGCCAGCATCTTGTGTGTGACGATATT 8665
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7278 AAAAUAUAACGUGUGUCUUAAGAAUUCUGCCAGCAUACUUGUGUGUGACGUGUUAU 7337
QY      8666 GAGGCTTTTCTCGTGTGTGCTTACACCAACGCTGAGATCTTCAAGTTTCCATACAT 8725
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7338 GAGGCTTTTCTCGTGTGTGCTTACACCAACGCTGAGATCTTCAAGTTTCCATACAT 8725
QY      8726 AAGAGCATGATGCTTTTGAAGACAACTCCGAGAGCGGTGACCTTGTGATGTATGAG 8785
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7398 AAGAGCATGATGCTTTTGAAGACAACTCCGAGAGCGGTGACCTTGTGATGTATGAG 8785
QY      8786 AAGGCAAGAGGCGTGTGCGAGACACGCAAAATTTGCTGTCTTCTGTGACGATGCT 8845
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7458 AAGGCAAGAGGCGTGTGCGAGACACGCAAAATTTGCTGTCTTCTGTGACGATGCT 8845
QY      8846 ACATCTAGACCTTACCAAGATTTGATTAAGACAGCGGTGTGCTGTGCTGTGCTGTG 8905
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7518 ACATCTAGACCTTACCAAGATTTGATTAAGACAGCGGTGTGCTGTGCTGTGCTGTG 8905
QY      8906 TATTGTGATTTTACCTCCCGAGGAGGAGTGTATTATTAACAACAGAGAAAGATTGAG 8965
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7578 TATTGTGATTTTACCTCCCGAGGAGGAGTGTATTATTAACAACAGAGAAAGATTGAG 8965
QY      8966 AAGTTCTTGTGAGATTTTGTGCTGTATTTTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCT 9025
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7638 AAGTTCTTGTGAGATTTTGTGCTGTATTTTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCTGTGCT 9025
QY      9026 TTAGCATAGCTGAACCCCAAAATTCAAATTAACATTAACATTTTGTGCTGTGCTGTG 9085
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7698 TTAGCATAGCTGAACCCCAAAATTCAAATTAACATTAACATTTTGTGCTGTGCTGTG 9085
QY      9086 TTTTGGGAGAGGAGCAAGAGGAGAGCCCGGCTTAAAGACCCCGGAGATGAGATT 9145
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7756 TTTTGGGAGAGGAGCAAGAGGAGAGCCCGGCTTAAAGACCCCGGAGATGAGATT 9145
QY      9146 GGGCAACATGTGTGATCAGAACCTTTTGTGCTGTGAGACCATGTCTGAAGGGAGTGA 9205
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7816 GGGCAACATGTGTGATCAGAACCTTTTGTGCTGTGAGACCATGTCTGAAGGGAGTGA 9205
QY      9206 CCTTGTGCTCATCCCAAAAACCGTCTGTGCTGTGAGAGATCTGTGCTGTGTGAGAA 9265
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7876 CCTTGTGCTCATCCCAAAAACCGTCTGTGCTGTGAGAGATCTGTGCTGTGTGAGAA 9265
QY      9266 GAGATGATTAATTTCCGCTGTGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 9325
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7936 GAGATGATTAATTTCCGCTGTGAGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 9325
```

```
QY      9326 AGAGCTAGTACCAAGGCGTGCACCCCGCTTTTGTTCACAGCGAGGCAACCCCGCT 9385
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      7996 AGAGGUGAGUACCAAGGCGTGCACCCCGGCTTTTGTTCACAGCGAGGCAACCCCGCT 8055
QY      9386 TGGATTAAAAACT 9399
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
Db      8056 UGAAUUAUAAAAU 8069
      |||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:

RESULT 13
AAT00052
ID AAT00052 standard; DNA; 4268 BP.
XX
AC AAT00052;
XX
DT 27-AUG-2003 (revised)
DT 02-JUL-1996 (first entry)
XX
DE Hepatitis GB virus (HGBV) clone.
XX
KW Hepatitis GB virus; HGBV; diagnosis; treatment; vaccine; reagents; non-A;
KW non-B; non-C; non-D; non-E; clone; tamatin; infected plasma;
KW lambda phage; cDNA library; ss.
XX
OS Hepatitis G virus.

Key
FH mat_peptide
FT /tag= a
FT /label= AAR82066
FT mat_peptide
FT /tag= d
FT /label= AAR82069
FT mat_peptide
FT /tag= b
FT /label= AAR82067
FT mat_peptide
FT /tag= e
FT /label= AAR82070
FT mat_peptide
FT /tag= c
FT /label= AAR82068
FT mat_peptide
FT /tag= f
FT /label= AAR82071

MO9521922-A2.
PD 17-AUG-1995.
XX
PF 14-FEB-1995; 95WO-US002118.
XX
PR 14-FEB-1994; 94US-00196030.
PR 13-MAY-1994; 94US-00242654.
PR 29-JUL-1994; 94US-00283314.
PR 23-NOV-1994; 94US-00344185.
PR 23-NOV-1994; 94US-00344190.
PR 27-JAN-1995; 95US-00344557.
XX
PA (ABBO ) ABBOTT LAB.
XX
PI Simons JN, Pilot-Matias TJ, Dawson GJ, Schlauder GC, Desai SM;
PI Leary TP, Muehleth AS, Erker JC, Buljk SL, Mushahwar IK;
XX
DR WPI; 1995-293123/38.
XX
P-FPSB; AAR82066, AAR82067, AAR82068, AAR82069, AAR82070, AAR82071.
XX
PT Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E Hepatitis virus reagents - useful for
PT diagnosis and therapy of hepatitis GB virus.
XX
PS Example 5; Page 232-234; 661pp; English.
XX
CC Double stranded hepatitis GB virus (HGBV) DNA obtd. from HGBV infected
```

CC lamarin plasmid, using standard procedures, was used to prepare a lambda
CC phage HGBV cDNA library. The cDNA clone AAT0052, which encodes the
CC protein AAR206-71 (the 6 possible reading frames), was rescued from
CC the lambda phage, searched against a sequence database and found to be an
CC unique HGBV sequence. Reagents which comprise the HGBV DNA, or its
CC protein products, can be used for the diagnosis, therapy or in a vaccine to
CC prevent HGBV infection. (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX

Sequence 4268 BP; 1036 A; 1063 C; 1063 G; 1086 T; 0 U; 20 Other;

Query Match 44.2%; Score 4152.6; DB 2; Length 4268;

Best Local Similarity 98.0%; Pred. No. 0; Mismatches 34; Indels 30; Gaps 2;

Matches 4211; Conservative 20; Mismatches 34; Indels 30; Gaps 2;

3456 TGGCTCATCCCAAGGCTCTATACACCAATACCGTTAGCGGCTAATGACGAGACA 3515
1 TGGCTCATCCCAAGGCTCTATACACCAATACCGTTAGCGGCTAATGACGAGACA 60
3516 TCTATCAACACCATGTGAGCTGGTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGCGGAGACAGAG 3575
61 TCTATCAACACCATGTGAGCTGGTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGCGGAGACAGAG 120
3576 GGTATCTGCTAACAAGCTGGGCTGATGCTGAGTGAAGTCAACAATCCGATACCTTATT 3635
121 GGTATCTGCTAACAAGCTGGGCTGATGCTGAGTGAAGTCAACAATCCGATACCTTATT 180
3636 GGTGCTGTGCGGGGCTCCCTCCATGCTGCTTGGCCAGGTTCTTCAAGTCCCGGATTC 3695
181 GGTGCTGTGCGGGGCTCCCTCCATGCTGCTTGGCCAGGTTCTTCAAGTCCCGGATTC 240
3696 TGTGCTCTCGGGGCTGATTTAGGATGTTCAACCGCTGCTAGAAATTTCTGCGGTTAG 3755
241 TGTGCTCTCGGGGCTGATTTAGGATGTTCAACCGCTGCTAGAAATTTCTGCGGTTAG 300
3756 TCACTCAATTAAGGTTAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3815
301 TCGGCAATTAAGGTTAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 360
3816 ATGCACTCTTGAATCAAAACCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 3875
361 ATGCACTCTTGAATCAAAACCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 420
3876 CCCCCACTGGGAGCGGCAAGTCAACCAATTAACAATTCTTCAATGAGAGAAATG 3935
421 CCCCCACTGGGAGCGGCAAGTCAACCAATTAACAATTCTTCAATGAGAGAAATG 480
3936 AGGTCTTGTCTTAATCCAGTGTGCTAACAAGCATCAATGCAATGCAATGCAATGCA 3995
481 AGGTCTTGTCTTAATCCAGTGTGCTAACAAGCATCAATGCAATGCAATGCAATGCA 540
3996 CGAGCTAGGCGGTGAATCAATGCTATTTTAAATGGAATGTAACCAACAGGAGGCTT 4055
541 CGAGCTAGGCGGTGAATCAATGCTATTTTAAATGGAATGTAACCAACAGGAGGCTT 600
4056 CACTTACGTAAGCAATATGAGTATGCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACATATGATG 4115
601 CACTTACGTAAGCAATATGAGTATGCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACATATGATG 660
4116 TAATCATTTGTGAGCAATGCTGCTACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATGGAAAG 4175
661 TAATCATTTGTGAGCAATGCTGCTACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATGGAAAG 720
4176 TCCCTAAGGAGCTCATCCAAATGTTAGGCTATGCTTGGCCAGGCTACCCGCC 4235
721 TCCCTAAGGAGCTCATCCAAATGTTAGGCTATGCTTGGCCAGGCTACCCGCC 780
4236 CTGAGTATCCCTACACCAATGCAATATGAGATTCATTAACGATGAGCA 4295
781 CTGAGTATCCCTACACCAATGCAATATGAGATTCATTAACGATGAGCA 840
4296 CTATCCCTTTTATGAGAAAGATTAAGAGAAATCTGAGAAAGGAGACCTTA 4355
841 CTATCCCTTTTATGAGAAAGATTAAGAGAAATCTGAGAAAGGAGACCTTA 900

4356 TCTTTGAGGCTACCAAAAACACTGTGTATGAGCTTGTACAGATTAGCTGAAAGGAA 4415
901 TCTTTGAGGCTACCAAAAACACTGTGTATGAGCTTGTACAGATTAGCTGAAAGGAA 960
4416 TAAACGCTGTCTTCTATATGAGGATGATCATCTCAAAAATCCCTAGAGGCACTGTG 4475
961 TAAACGCTGTCTTCTATATGAGGATGATCATCTCAAAAATCCCTAGAGGCACTGTG 1020
4476 TAGTAGTTGACCATGATGCTTGTGTACAGGATGACATGATCTTATGCTGATG 4535
1021 TAGTAGTTGACCATGATGCTTGTGTACAGGATGACATGATCTTATGCTGATG 1080
4536 ACTGAGCTCATGATGATGAGGCAATGCAATGTTGACCTTGAACCTTACCATG 4595
1081 ACTGAGCTCATGATGATGAGGCAATGCAATGTTGACCTTGAACCTTACCATG 1140
4596 GTGTTCTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATATGTTAAAGGCAAGCTGAGGCGCACAGCC 4655
1141 GTGTTCTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATATGTTAAAGGCAAGCTGAGGCGCACAGCC 1200
4656 GTGAGAGGCTGGCATATCTACTATATGATGACGAGAGTTGATACCCCTTCCGGATGTT 4715
1201 GTGAGAGGCTGGCATATCTACTATATGATGACGAGAGTTGATACCCCTTCCGGATGTT 1260
4716 CTGAATGCAATTTGTGAAGCTTTCAGACGAGCCAGGCAATGATGATGATCA 4775
1261 CTGAATGCAATTTGTGAAGCTTTCAGACGAGCCAGGCAATGATGATGATCA 1320
4776 CAGAACTCAAACTATTTCTGGAACCTATGCAACCTGAGCTTACTGATGAGAG 4835
1321 CAGAACTCAAACTATTTCTGGAACCTATGCAACCTGAGCTTACTGATGAGAG 1380
4836 CAATTTGAGAGGCTGATCTCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4895
1381 CAATTTGAGAGGCTGATCTCTTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1440
4896 ATATGCAAAAAGAACTGCTGCAATATGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4955
1441 ATATGCAAAAAGAACTGCTGCAATATGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1500
4956 GTCAATCAATATGCTATGCTGCTCCCAATGACGACCAAGCTGAGGAGCGCGCTTG 5015
1501 GTCAATCAATATGCTATGCTGCTCCCAATGACGACCAAGCTGAGGAGCGCGCTTG 1560
5016 GGAATAAACCTTGAGGCTGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAG 5075
1561 GGAATAAACCTTGAGGCTGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAGGCTGAG 1620
5076 AGCCAGGAGGATGACAGATACCAATATGCTTCACTGAATCAATATCTTCTGAGAG 5135
1621 AGCCAGGAGGATGACAGATACCAATATGCTTCACTGAATCAATATCTTCTGAGAG 1680
5136 CCGCATCTGCTGTTGGCGGTGAGTGTGCTATGCTTATGCAATGCACTTTTGGCG 5195
1681 CCGCATCTGCTGTTGGCGGTGAGTGTGCTATGCTTATGCAATGCACTTTTGGCG 1740
5196 CCACTGTGAGGCGGCTGCTGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5255
1741 CCACTGTGAGGCGGCTGCTGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1800
5256 CAGTGTGAGGAGAAATGCTGAGAGTGTGATCAATTCATTCCTTCTGAGAGCA 5315
1801 CAGTGTGAGGAGAAATGCTGAGAGTGTGATCAATTCATTCCTTCTGAGAGCA 1860
5316 TGGTTGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 5375
1861 TGGTTGCTGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1920
5376 AAACCGCTTGAATACTTAACCTTTCTTGGGCTGAGGCTCAATCTTGTGTA 5435
1921 AAACCGCTTGAATACTTAACCTTTCTTGGGCTGAGGCTCAATCTTGTGTA 1980

QY	5436	TCATGAGATATTGCTGTGGTTTAGTCATCTTAACTGCAACAATCCCTTTGCATCAAGCGGT	5435
Db	1981	TCATGAGATATTGCTGTGGCTTAGCACTTAACTGCAACAATCCCTTTGCATCAAGCGGT	2040
QY	5496	TTGCTTTCAATTGCGGGTATPACATACCCAGTACCTCAACAATCAAAAATGTTCCGTGAT	5555
Db	2041	TTGCTTTCAATTGCGGGTATTAATCACTACCCAGTACCTCAACAATCAAAAATGTTCCGTGAT	2100
QY	5556	TATTTGAGGGCAATTGCGTCCAGCTTACAGACGCTAGAGGGCACTGGCGTTTATGA	5615
Db	2101	TATTTGAGGGCAATTGCGTCCAGCTTACAGACGCTAGAGRGCACTGGCGTTTATGA	2160
QY	5616	TGGCGGGGCTGCGGGAAACAGCTTGTGTACATGGAACATCGGTGGTTTGTCTTTGACA	5675
Db	2161	TGGCGGGGCTGCGGGAAACAGCTTGTGTACATGGAACATCGGTGGTTTGTCTTTGACA	2220
QY	5676	TGCTAGGGGGCTATGCTGCGGCTCATCACGCGTGTGTACAAATTAAATGCTGATGG	5735
Db	2221	TGCTAGGGGGCTATGCTGCGGCTCATCACGCTGTGTACAAATTAAATGCTGATGG	2280
QY	5736	GTGATGGCCCACTATGATCAGCTGTGCTTTAGTCACTCCGCGTTCAATCCGGCG	5795
Db	2281	GTGATGGCGTCACTATGATCAGCTGTGCTTTAGTCACTCCGCGTTCAATCCGGCG	2340
QY	5796	CAGGATGTGTGGGCGTGTGTACGTTGTGCATGTGTTGCTTTGACAAACAGAGGGCGAG	5855
Db	2341	CAGGATGTGTGGGCGTGTGTACGTTGTGCATGTGTTGCTTTGACAAACAGAGGGCGAG	2400
QY	5856	ATCATGTGGCCCAACGACCTTCTTAATAGCTTGTGTAAGGAACAACGTATATGTAAGT	5915
Db	2401	ATCATGTGGCCCAACGACCTTCTTAATAGCTTGTGTAAGGAACAACGTATATGTAAGT	2460
QY	5916	ACTTATTTGCACTGTGACATCCGACAGGAAGATACTGGGATTTGTGAGGCATCTACCC	5975
Db	2461	ACTTATTTGCACTGTGACATCCGACAGGAAGATATCTGGGATTTGTGAGGCATCTACCC	2520
QY	5976	CCTGAGGTGCATATCAGCTTGATCCGTTGGCTCCACACCCCGAGGAGTATTTGCG	6035
Db	2521	CCTGAGGTGCATATCAGCTTGATCCGTTGGCTCCACACCCCGAGGAGTATTTGCG	2580
QY	6036	GCCTATTTGCTTTGGGCTCTAGAGATTTGGCAGTATGTGTGCATTTTCTTGTATTTGCT	6095
Db	2581	GCCTATTTGCTTTGGGCTCTAGAGATTTGGCAGTATGTGTGCATTTTCTTGTATTTGCT	2640
QY	6096	TTAATGTCTTTAAAAGCTGAGTTCAGACATGTTTAACTTCCTGTGTCTTCTTACA	6155
Db	2641	TTAATGTCTTTAAAAGCTGAGTTCAGACATGTTTAACTTCCTGTGTCTTCTTACA	2700
QY	6156	GCTGCAGAAAGGGGTACAAGGGCCCTGGATTTGATCAGGATGTCTCCMAACACGCTGC	6215
Db	2701	GCTGCAGAAAGGGGTACAAGGGCCCTGGATTTGATCAGGATGTCTCCMAACACGCTGC	2760
QY	6216	CATGGGTGCTGAATCATCTTTTCTGTGAGAAATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAC	6275
Db	2761	CATGGGTGCTGAATCATCTTTTCTGTGAGAAATGTTTGGCAAACTTTACAAAGAC	2820
QY	6276	CCAGAACTGTTCAAAATTAAGGAGAGGGGCTGTTCCAGTCAAGGCTAGGCTGTGGGT	6335
Db	2821	CCAGAACTGTTCAAAATTAAGGAGAGGGGCTGTTCCAGTCAAGGCTAGGCTGTGGGT	2880
QY	6336	CGGCTAGACCGGACCCAACTGATTTGGACTGTTGTGTCAATTAATGACTTATGAGACT	6395
Db	2881	CGGCTAGACCGGACCCAACTGATTTGGACTGTTGTGTCAATTAATGACTTATGAGACT	2940
QY	6396	ACTGTAATATGAGAAAAATGGGAGTCAATTTTGTTAACGCAGTATCTCTCCAAATG	6455
Db	2941	ACTGTAATATGAGAAAAATGGGAGTCAATTTTGTTAACGCAGTATCTCTCCAAATG	3000
QY	6456	TCTGTTTACCCAGGTGCCCCCAACCTTGAAGCTGCGAGTGGCCGTGACCGGCTAACAG	6515
Db	3001	TCTGTTTACCCAGGTGCCCCCAACCTTGAAGCTGCGAGTGGCCGTGACCGGCTAACAG	3060
QY	6516	TTCAAGTATATCTAGTAGGCCCAAACTCCCTTGACAGACATCTGCTTGCTTTACGGCT	6575

Db	3061	TTGAGGTTATCTAGGTGAGCCCAAACTCTTGACGACATCTGCTTGTTACGCTC	3120
QY	6576	CTGACGGTTAAGGGTAAACCTGTTAAAGCTTCCCTTCGCGTGTGACGATCACACTGGTG	6635
Db	3121	CTGACGGTTAAGGGTAAACCTGTTAAAGCTTCCCTTCGCGTGTGACGACACACTGGTG	3180
QY	6636	TGCGCATGCACTTAATTTGGCGTATGACCTTGAGCAAAATGACTGTAATTCACAAACA	6695
Db	3181	GTTCGATGCACTTAATTTGGCGTATGACCTTGAGCAAAATGACTGTAATTCATTAACA	3240
QY	6696	AACACTTATGATGAGCGCGAGTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGGTTGCGCGTA	6755
Db	3241	AACACTTATGATGAGCGCGAGTCCGCTCTGTTTTCAAACAGAGGTTGCGCGTA	3300
QY	6756	CAAAACCAATTGCTTGAGGCAATTTCACTGCGGTTGACACCAACATGCGACGCCCT	6815
Db	3301	CAAAACCAATTGCTTGAGGCAATTTCACTGCGGTTGACACCAACATGCGACGCCCT	3360
QY	6816	CC--ATCGAAGAGTAGTGTGTAAGAAAGCCGCAATTCGGGCGAAGACTGGTTCGTTA	6872
Db	3361	CCAGATCGAAGAGTAGTGTGTAAGAAAGCCGCAATTCGGGCGAAGACTGGTTCGTTA	3420
QY	6873	CCTTGCTTCCCTCCGAGATTCGTCGCCAGAGTGTGATGCTGTAAGCTGCGACGAA	6932
Db	3421	CCTTGCTTCCCTCCGAGATTCGTCGCCAGAGTGTGATGCTGTAAGCTGCGACGAA	3480
QY	6933	GTGACCCGTTAGAAGGTCTTCAAACTCCCTCCTTCAACCACTGTTCTCAAGTTGGCCA	6992
Db	3481	GTGACCCGTTAGAAGGTCTTCAAACTCCCTCCTTCAACCACTGTTCTCAAGTTGGCCA	3540
QY	6993	TGCGCATGCCCCGTGGAGCGCGGTGATGTAACCTTTCACATGCAATTTGATGTGCA	7052
Db	3541	TGCGCATGCCCCGTGGAGCGCGGTGATGTAACCTTTCACATGCAATTTGATGTGCA	3600
QY	7053	TGACCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGATTTTACCCAGTTTACCCTCCCAAAAAGAGGCT	7112
Db	3601	TGACCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGATTTTACCCAGTTTACCCTCCCAAAAAGAGGCT	3660
QY	7113	CTGAATGTCAGACGAAAGTTGATGTCACGCGCTACACCGTTTTCAGCTACGTTACGACC	7172
Db	3661	CTGAATGTCAGACGAAAGTTGATGTCACGCGCTACACCGTTTTCAGCTACGTTACGACC	3720
QY	7173	CCCGGTACCCTAAGATACGGGGAAGAGATTCACTGATGACGCCCGCGCAACCGGCTTA	7232
Db	3721	CCCGGTACCCTAAGATACGGGGAAGAGATTCACTGATGACGCCCGCGCAACCGGCTTA	3780
QY	7233	CAAAAAGAAAGTTGGGAAAAGTGAATTTTCGTGACGATGAGCTACCTGGACCGACG	7292
Db	3781	CAAAAAGAAAGTTGGGAAAAGTGAATTTTCGTGACGATGAGCTACCTGGACCGACG	3840
QY	7293	TGATTAAGCTTCAAAACCTGCTTCTAAAGTCTGTGCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTT	7352
Db	3841	TGATTAAGCTTCAAAACCTGCTTCTAAAGTCTGTGCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTT	3900
QY	7353	TGCTCAACCAAGATCATTTGCTGATGTACTGAGCCGCGGGATGCGGACTTGAAGAAC	7412
Db	3901	TGCTCAACCAAGATCATTTGCTGATGTACTGAGCCGCGGGATGCGGACTTGAAGAAC	3960
QY	7413	AAAAAGTCACTTTAATAGCAACTCTGTTCCTCCCATCATTCACACAGCAAGTGAAT	7472
Db	3961	AAAAAGTCACTTTAATAGCAACTCTGTTCCTCCCATCATTCACACAGCAAGTGAAT	4020
QY	7473	TGGCTAAGAAAAGGCTTAAAGTGTGCGGTGTCATGTGGGACTATGATGAAGTAGAG	7532
Db	4021	TGGCTAAGAAAAGGCTTAAAGTGTGCGGTGTCATGTGGGACTATGATGAAGTAGAG	4080
QY	7533	CTCACACGCCCTCTAAGTCTGCTAAGTCCACATCACTGGCCCTTGGGCGCATGATGTTTC	7592
Db	4081	CTCACACGCCCTCTAAGTCTGCTAAGTCCACATCACTGGCCCTTGGGCGCATGATGTTTC	4135
QY	7593	GTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTTCTGGACTTGCAGAAAGTGTGTGAGGACGTGAGA	7652

Db 1081 ACTGAGCCTCATGTAGAGGACATGCGATGTTGACCTTACCTTACCATG 1140
Qy 4596 GTGTCGTGTGTGCGGGGTTTCAGCAATAGTTAAAGCCAGCGTAGGGCCGACAGGCC 4655
Db 1141 GTGTCGTGTGTGCGGGGTTTCAGCAATAGTTAAAGCCAGCGTAGGGCCGACAGGCC 1200
Qy 4656 GTGGAGAGCTGGCATATACCTATATGAGCGGGATGTGACCCCTTCGGGTATGCTTC 4715
Db 1201 GTGGAGAGCTGGCATATACCTATATGAGCGGGATGTGACCCCTTCGGGTATGCTTC 1260
Qy 4716 CTGAATGCAACATGTTGAAAGCTTGAAGCAGCCAGGCAATGATATGTTGTATCA 4775
Db 1261 CTGAATGCAACATGTTGAAAGCTTGAAGCAGCCAGGCAATGATATGTTGTATCA 1320
Qy 4776 CAGAAGCTCAAACTATTTGAGACACCTATGCAACCCACCTGGAGTTACCTGCAATAGAG 4835
Db 1321 CAGAAGCTCAAACTATTTGAGACACCTATGCAACCCACCTGGAGTTACCTGCAATAGAG 1380
Qy 4836 CAAATTTGACGAGTGGGCTGATCTCTTTTCTATGCTCAACCCCGAACCTTCAATTTGCA 4895
Db 1381 CAAATTTGACGAGTGGGCTGATCTCTTTTCTATGCTCAACCCCGAACCTTCAATTTGCA 1440
Qy 4896 ATATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAAATTAATGTTTGTGACTGAGCCCACTACAACTGT 4955
Db 1441 ATATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAAATTAATGTTTGTGACTGAGCCCACTACAACTGT 1500
Qy 4956 GTCATGATGATGGCTATGCTGCTCCCAATGACGACACGAGTGGAGGAGCCGGCTTG 5015
Db 1501 GTCATGATGATGGCTATGCTGCTCCCAATGACGACACGAGTGGAGGAGCCGGCTTG 1560
Qy 5016 GGAAGAAACCTTGTGTGGGTTCTGTGTGCGCTTGGACGCGCGCTGACGCGCTTCTGGCCAG 5075
Db 1561 GGAAGAAACCTTGTGTGGGTTCTGTGTGCGCTTGGACGCGCGCTGACGCGCTTCTGGCCAG 1620
Qy 5076 AGCCGACGAGGTGACCAAGATACCAATGTGCTTCACTGAATCACTATCTTCTGGAGCAG 5135
Db 1621 AGCCGACGAGGTGACCAAGATACCAATGTGCTTCACTGAATCACTATCTTCTGGAGCAG 1680
Qy 5136 CGGCACTGCTGTGTGGCGTTGGAGTGGCTATGGCTATGAGCAATGACATTTTGGAGG 5195
Db 1681 CGGCACTGCTGTGTGGCGTTGGAGTGGCTATGGCTATGAGCAATGACATTTTGGAGG 1740
Qy 5196 CCACTGTGTGCGCGCTGTGCTTATTTGACATCAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGGCC 5255
Db 1741 CCACTGTGTGCGCGCTGTGCTTATTTGACATCAGTCCCTACCGGTGCTACTGTGGCC 1800
Qy 5256 CAGTGTGTAAGAAGAAATGTGAGAGAGTGTGATCATTTCCCTTGGAGGCCA 5315
Db 1801 CAGTGTGTAAGAAGAAATGTGAGAGAGTGTGATCATTTCCCTTGGAGGCCA 1860
Qy 5316 TGGTGTGTAAGAAGAAATGTGAGAGAGTGTGATCATTTCCCTTGGAGGCCA 5375
Db 1861 TGGTGTGTAAGAAGAAATGTGAGAGAGTGTGATCATTTCCCTTGGAGGCCA 1920
Qy 5376 AAACCCGCTTGAAGAACTTAAACCTTCTTGGGCTCAGTACGAGCTACATCCTTGTCTA 5435
Db 1921 AAACCCGCTTGAAGAACTTAAACCTTCTTGGGCTCAGTACGAGCTACATCCTTGTCTA 1980
Qy 5436 TCATAGATATGCTGTGTTTAGTCACTTTACCTGACAAATCCCTTGGCATATGCTGT 5495
Db 1981 TCATAGATATGCTGTGTTTAGTCACTTTACCTGACAAATCCCTTGGCATATGCTGT 2040
Qy 5496 TTGCTTCAATTTGGGGATTTACTACCCCACTACCTGACAAAGATCAAAATGTTCTGTGAT 5555
Db 2041 TTGCTTCAATTTGGGGATTTACTACCCCACTACCTGACAAAGATCAAAATGTTCTGTGAT 2100
Qy 5556 TATTTGAGGCGCAATTTGCTCCAACTTACAGACCTGAGGCGGCACTGGCGTTGATGA 5615
Db 2101 TATTTGAGGCGCAATTTGCTCCAACTTACAGACCTGAGRGCGACCTGGCGTTGATGA 2160
Qy 5616 TGGCGGAGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTGATCATGAGCATGTGGGCTTTGTCTTTGACA 5675

Db 2161 TGGCGGAGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTGATCATGAGCATCGGTGGGTTTGTCTTTGACA 2220
Qy 5676 TGTATGCGGCTATGCTGCCCTCATCACTGCTTGTGACATTTAAATGCTTGATGG 5735
Db 2221 TGTATGCGGCTATGCTGCCCTCATCACTGCTTGTGACATTTAAATGCTTGATGG 2280
Qy 5736 GTGATGCGCCCATTTGATGAGCTGTGCTGTTTGTGCTACCTCCGGTTCATTCGGCCG 5795
Db 2281 GTGATGCGCCCATTTGATGAGCTGTGCTGTTTGTGCTACCTCCGGTTCATTCGGCCG 2340
Qy 5796 CAGAGTTGTGGGCTCTTGTGAGCTTGTGCAATGTTGCTTTGACAACAGCAGGCGCAG 5855
Db 2341 CAGAGTTGTGGGCTCTTGTGAGCTTGTGCAATGTTGCTTTGACAACAGCAGGCGCAG 2400
Qy 5856 ATCACTGCGCCAAAGACTTCTTACTATGCTTGTGAGAGCAACCTGATATGATGAT 5915
Db 2401 ATCACTGCGCCAAAGACTTCTTACTATGCTTGTGAGAGCAACCTGATATGATGAT 2460
Qy 5916 ACTTTATTTGCCATCTGTGACATCCGACAGAAATATCTGGGCAATTCGAGGAGCATACCC 5975
Db 2461 ACTTTATTTGCCATCTGTGACATCCGACAGAAATATCTGGGCAATTCGAGGAGCATACCC 2520
Qy 5976 CCTGAGTGTGATATCAGCTTGCATCCGTTGCTCCACACCCCGACGAGATGATGGC 6035
Db 2521 CCTGAGTGTGATATCAGCTTGCATCCGTTGCTCCACACCCCGACGAGATGATGGC 2580
Qy 6036 GCCTCATTTGCTTGGGCTCTAGAGATTTGGACATGCTGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCT 6095
Db 2581 GCCTCATTTGCTTGGGCTCTAGAGATTTGGACATGCTGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCT 2640
Qy 6096 TTAAATGCTTTAAAGCTGAGATTCAGAGATGATGTTAAACATTCCTGTTTCCCTTCTACA 6155
Db 2641 TTAAATGCTTTAAAGCTGAGATTCAGAGATGATGTTAAACATTCCTGTTTCCCTTCTACA 2700
Qy 6156 GCTGCAGAAAGGAGTACAAAGGCGCTGATTTGATCAGTATGCTCCAAAGCAGCTGTCT 6215
Db 2701 GCTGCAGAAAGGAGTACAAAGGCGCTGATTTGATCAGTATGCTCCAAAGCAGCTGTCT 2760
Qy 6216 CATGCGGTGCTGAACCTCATCTTTTCTGTTGAGATGTTTTTGCAAACTTTTCAAAAGAC 6275
Db 2761 CATGCGGTGCTGAACCTCATCTTTTCTGTTGAGATGTTTTTGCAAACTTTTCAAAAGAC 2820
Qy 6276 CCAAGACTTGTTCAAATTACTGAGAGGGGCTTCCAACTCAACGCTAGCGTGTGGGT 6335
Db 2821 CCAAGACTTGTTCAAATTACTGAGAGGGGCTTCCAACTCAACGCTAGCGTGTGGGT 2880
Qy 6336 CGGCTAGACCGGACCACTGATTTGACTGATCTTGTCTGCAATTTATGCGTTAGGGACT 6395
Db 2881 CGGCTAGACCGGACCACTGATTTGACTGATCTTGTCTGCAATTTATGCGTTAGGGACT 2940
Qy 6396 ACTGTAAATATGAGAAATGAGAGATCAGATTTTGTGTAACAGATATCTCTCAATG 6455
Db 2941 ACTGTAAATATGAGAAATGAGAGATCAGATTTTGTGTAACAGATATCTCTCAATG 3000
Qy 6456 TCTGTTTACCCAGAGTCCCCCAACCTTGAAGAGCTGAGTGGCGCGGAGACGGGTACAG 6515
Db 3001 TCTGTTTACCCAGAGTCCCCCAACCTTGAAGAGCTGAGTGGCGCGGAGACGGGTACAG 3060
Qy 6516 TTCAAGTATCTAAGTGAAGCCAAATCTCTTGAAGCAATCTGCTGCTGTATAGGCT 6575
Db 3061 TTCAAGTATCTAAGTGAAGCCAAATCTCTTGAAGCAATCTGCTGCTGTATAGGCT 3120
Qy 6576 TTGACGGTAAGGGTAAATCTGTTAAGCTTCCCTTCGCGTTGACGGTCAACACTGGTG 6635
Db 3121 TTGACGGTAAGGGTAAATCTGTTAAGCTTCCCTTCGCGTTGACGGTCAACACTGGTG 3180
Qy 6636 TGGCAGTCAACTTAATTTGCGTATGACCTTGAAGCAATATGACTGTAATTTCAACAACA 6695
Db 3181 TGGCAGTCAACTTAATTTGCGTATGACCTTGAAGCAATATGACTGTAATTTCAACAACA 3240
Qy 6696 ACACTCTATGATGAAGCGCAGTGTGCTGCTTTTCAAAACAGAGTTGCGGCTGA 6755
Db 3241 ACACTCTATGATGAAGCGCAGTGTGCTGCTTTTCAAAACAGAGTTGCGGCTGA 3300

```

QY 6756 CAAACCAATGCTTGAAGGCAATTTGAGTGGGTTGACACCAAACTGCCAGCCCT 6815
DB 3301 CAAACCAATGCTTGAAGGCAATTTGAGTGGGTTGACACCAAACTGCCAGCCCT 3360
QY 6816 CC---ATGGAAGAGTAGTGTGTAAGAAAGCCGCACTTCCGGGCAAGAACTGGTTGCTTA 6872
DB 3361 CCAGAGTCGAAAGAGTAGTGTGTAAGAAAGCCGCACTTCCGGGCAAGAACTGGTTGCTTA 3420
QY 6873 CTTGCTGCTCCCTCCGAGATCCGTCGAGAGTGCATGTCTGTAAGAGCTGCAACGAA 6932
DB 3421 CTTGCTGCTCCCTCCGAGATCCGTCGAGAGTGCATGTCTGTAAGAGCTGCAACGAA 3480
QY 6933 GTGACCCGTTAGAGGCTCTTCAAACTTCCCTTCAACCACTGTTTACAGTTGGCA 6992
DB 3481 GTGACCCGTTAGAGGCTCTTCAAACTTCCCTTCAACCACTGTTTACAGTTGGCA 3540
QY 6993 TGCCGATGCCCTGTTGGAGGGGTGAGTGAACCTTTCCTGCAATTTGATGTGCA 7052
DB 3541 TGCCGATGCCCTGTTGGAGGGGTGAGTGAACCTTTCCTGCAATTTGATGTGCA 3600
QY 7053 TGACCGAAACAGGCGAGGCGCTGATGATTTACCGAGTTACCTCCCAAAAGAGGCT 7112
DB 3601 TGACCGAAACAGGCGAGGCGCTGATGATTTACCGAGTTACCTCCCAAAAGAGGCT 3660
QY 7113 CTGAATGTCAGACGAAAGTTGTCGACGCTTCAACCGTTTCCAGTTACCTTGGCC 7172
DB 3661 CTGAATGTCAGACGAAAGTTGTCGACGCTTCAACCGCTTCCAGTTACCTTGGCC 3720
QY 7173 CCCCCTGATCCTTAAGATACGGGAAAGATTCATCTAGTACGCCCCCGCAACGGCTTA 7232
DB 3721 CCCCCTGATCCTTAAGATACGGGAAAGATTCATCTAGTACGCCCCCGCAACGGCTTA 3780
QY 7233 CAAAAAGAGAGTTGGGAAAGATGATTTGTTGAGAGATGAGTACACTGGAACGAG 7292
DB 3781 CAAAAAGAGAGTTGGGAAAGATGATTTGTTGAGAGATGAGTACACTGGAACGAG 3840
QY 7293 TGATTAGCTTCAAACTGCTTCAAAAGTTCTGTCTGCAACTTGGGCACTCATAGTGT 7352
DB 3841 TGATTAGCTTCAAACTGCTTCAAAAGTTCTGTCTGCAACTTGGGCACTCATAGTGT 3900
QY 7353 TCTCTAAACAAAGATCATTGTGTATGTGATGACGCGGGGATCGGAGCTTAGAAAC 7412
DB 3901 TCTCTAAACAAAGATCATTGTGTATGTGATGACGCGGGGATCGGAGCTTAGAAAC 3960
QY 7413 AAAAGTCACTTATATGACAACCTGTTCCGCCCATCATACCAAGCAAGGAGAT 7472
DB 3961 AAAAGTCACTTATATGACAACCTGTTCCGCCCATCATACCAAGCAAGGAGAT 4020
QY 7473 TGGCTAAGGAAAGCTTCAAAAGTTGCGGTGATGATGAGTATGATGAGAGAG 7532
DB 4021 TGGCTAAGGAAAGCTTCAAAAGTTGCGGTGATGATGAGTATGATGAGAGAG 4080
QY 7533 CTCACACGCGCTTGAAGTCTGTAAGTCCACATCATGAGCTTGGGGCACTGATGTT 7592
DB 4081 CTCACACGCGCTTGAAGTCTGTAAGTCCACATCATGAGCTTGGGGCACTGATGTT 4135
QY 7593 GTTCTGAGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCTGCAAGAGTGTTCAGAGGAGTGA 7652
DB 4136 GTTCTGAGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCTGCAAGAGTGTTCAGAGGAGTGA 4173
QY 7653 TACGAGTCAATTCGCAAACTGTGATGATTCAAAGAGAGAGTCTTCTGTAAGAGCC 7712
DB 4174 TACGAGTCAATTCGCAAACTGTGATGATTCAAAGAGAGAGTCTTCTGTAAGAGCC 4233
QY 7713 CCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATC 7747
DB 4234 CCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATC 4268

```

RESULT 15
AAT0045
ID AAT0045 standard; DNA; 479 BP.

```

XX AAT0045;
AC 27-AUG-2003 (revised)
DT 02-JUL-1996 (first entry)
DE Hepatitis GB virus (HBV) clone 13.
XX Hepatitis GB virus; HGBV; diagnosis; treatment; vaccine; reagents; non-A;
KW non-B; non-C; non-D; non-E; clone 13; tamarin; infected plasma;
XX lambda phage; cDNA library; ss.
OS Hepatitis G virus.
XX WO9521922-A2.
XX 17-AUG-1995.
XX 14-FEB-1995; 95WO-US0002118.
XX 14-FEB-1994; 94US-00196030.
XX 13-MAY-1994; 94US-00242654.
XX 29-JUL-1994; 94US-00283314.
XX 23-NOV-1994; 94US-00344185.
XX 23-NOV-1994; 94US-00344190.
XX 27-JAN-1995; 95US-00344557.
XX (ABBO ) ABBOTT LAB.
XX Simons JN, Pilot-Medias TU, Dawson GJ, Schlauder GG, Desai SM;
XX Leary TP, Muerhoff AS, Erker JC, Buik SL, Muehahwar IK;
XX WPI; 1995-293123/38.
XX Non-A, non-B, non-C, non-D, non-E Hepatitis virus reagents - useful for
XX diagnosis and therapy of hepatitis GB virus.
XX Example 5; Page 191; 661pp; English.
XX Double stranded hepatitis GB virus (HGBV) DNA obtd. from HGBV infected
XX tamarin plasma, using standard procedures, was used to prepare a lambda
XX phage HGBV cDNA library. The cDNA clone AAT0045, was rescued from the
XX lambda phage, searched against a sequence database and found to be an
XX unique HGBV sequence. Reagents which comprise the HGBV DNA, or its
XX protein prods. can be used for the diagnosis, therapy or in a vaccine to
XX prevent HGBV infection. (Updated on 27-AUG-2003 to correct OS field.)
XX Sequence 479 BP; 113 A; 133 C; 114 G; 118 T; 0 U; 1 Other;
SQ
Query Match 4.8%; Score 449.8; DB 2; Length 479;
Best Local Similarity 97.5%; Pred. No. 1.9e-121;
Matches 467; Conservative 1; Mismatches 8; Indels 3; Gaps 1;
QY 6419 GATCACTTTTGTATGACAGATCTCTCCAAATGTCTGTTTACCCAGGTGCCCA 6478
DB 1 GATCACTTTTGTATGACAGATCTCTCCAAATGTCTGTTTACCCAGGTGCCCA 60
QY 6479 ACCTTGAGGTGAGTGGCGGTGAGCGGCTGACAGTTCAGTGTATCTAGTGAAGCC 6538
DB 61 ACCTTGAGGTGAGTGGCGGTGAGCGGCTGACAGTTCAGTGTATCTAGTGAAGCC 120
QY 6539 AAACTCCTTGGAGACATCTGCTGTGATGAGTCTGACGCTGAGAGGTAAGAACTGTT 6598
DB 121 AAACTCCTTGGAGACATCTGCTGTGATGAGTCTGACGCTGAGAGGTAAGAACTGTT 180
QY 6599 AAGCTTCCTTCCGGGTGAGCGTGCACACACTGTGTCGCGATGCAACTTAATTGGCT 6658
DB 181 AAGCTTCCTTCCGGGTGAGCGTGCACACACTGTGTCGCGATGCAACTTAATTGGCT 240
QY 6659 GATGCACTTGAGCAAAAGTGTATTCACCAACACACTCCCTAGTGAAGAGCCGCA 6718
DB 241 GATGCACTTGAGCAAAAGTGTATTCACCAACACACTCCCTAGTGAAGAGCCGCA 300

```

QY	6719	GTGTCGGCTCTGTTTTCAAACAGAGATTGCGGCGTACAAACCAATTGCTTGAGGCAATT	6778
Db	301	GTGTCGGCTCTGTTTTCAAACAGAGATTGCGGCGTACAAACCAATTGCTTGAGGCAATT	360
QY	6779	TCAGCTGGGGTTGACACCAACCTGCGAGCCCCCTCC--ATCGAGAGGTAGTGTA	6835
Db	361	TCAGCTGGGGTTGACACCAACCTGCGAGCCCCCTCCAGATCGAAGAGTGTGTA	420
QY	6836	AGAAAGCGCCAGTTCGGGCAAGAACTGGTTCCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATC	6894
Db	421	AGAAAGCGCCAGTTCGGGCAAGAACTGGTTCCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATC	479

Search completed: November 19, 2005, 11:00:10
 Job time : 4759 secs

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

CM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: November 19, 2005, 09:36:52 ; Search time 1548 Seconds
(without alignments)
10792.831 Million cell updates/sec

Title: US-09-587-653-2

Perfect score: 9399
Sequence: 1 accacaacaccctcgttgcgttcgttcgaatcaaaact 9399

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 1303057 seqs, 888780828 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2606114

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Issued Patents NA:
1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/1_COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5_COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/H_COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PTUS_COMB.seq:*
7: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PP_COMB.seq:*
8: /cgn2_6/ptodata/1/ina/RE_COMB.seq:*
9: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfilltest.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	9059.8	96.4	9143	2	US-08-639-857-32
2	9059.8	96.4	9143	3	US-08-469-260A-390
3	9059.8	96.4	9143	3	US-08-469-260A-393
4	9059.8	96.4	9143	3	US-08-488-446-390
5	9059.8	96.4	9143	3	US-08-488-446-393
6	9059.8	96.4	9143	3	US-08-467-344A-390
7	9059.8	96.4	9143	3	US-08-424-550B-393
8	9059.8	96.4	9143	3	US-08-424-550B-393
9	9059.8	96.4	9143	3	US-08-424-550B-393
10	8684.6	92.4	8912	3	US-08-469-260A-11
11	8684.6	92.4	8912	3	US-08-488-446-11
12	8684.6	92.4	8912	3	US-08-467-344A-11
13	8684.6	92.4	8912	3	US-08-424-550B-11
14	4152.6	44.2	4268	3	US-08-469-260A-80
15	4152.6	44.2	4268	3	US-08-488-446-80
16	4152.6	44.2	4268	3	US-08-467-344A-80
17	4152.6	44.2	4268	3	US-08-424-550B-80
18	449.8	4.8	479	3	US-08-469-260A-392
19	449.8	4.8	479	3	US-08-488-446-25
20	449.8	4.8	479	3	US-08-488-446-392
21	449.8	4.8	479	3	US-08-467-344A-25
22	449.8	4.8	479	3	US-08-467-344A-392
23	449.8	4.8	479	3	US-08-424-550B-25
24	449.8	4.8	479	3	US-08-424-550B-25

25	449.8	4.8	479	3	US-08-424-550B-392	Sequence 392, App
C 26	319.6	3.4	337	3	US-08-469-260A-29	Sequence 29, App1
C 27	319.6	3.4	337	3	US-08-469-260A-159	Sequence 159, App
C 28	319.6	3.4	337	3	US-08-488-446-29	Sequence 29, App1
C 29	319.6	3.4	337	3	US-08-488-446-159	Sequence 159, App
C 30	319.6	3.4	337	3	US-08-467-344A-29	Sequence 29, App1
C 31	319.6	3.4	337	3	US-08-467-344A-159	Sequence 159, App
C 32	319.6	3.4	337	3	US-08-424-550B-29	Sequence 29, App1
C 33	319.6	3.4	337	3	US-08-424-550B-159	Sequence 159, App
C 34	307.4	3.3	309	3	US-09-579-302-1	Sequence 1, App1
35	279.4	3.0	281	3	US-08-469-260A-18	Sequence 18, App1
36	279.4	3.0	281	3	US-08-469-260A-20	Sequence 20, App1
37	279.4	3.0	281	3	US-08-488-446-18	Sequence 18, App1
38	279.4	3.0	281	3	US-08-488-446-20	Sequence 20, App1
39	279.4	3.0	281	3	US-08-467-344A-18	Sequence 18, App1
40	279.4	3.0	281	3	US-08-467-344A-20	Sequence 20, App1
41	279.4	3.0	281	3	US-08-424-550B-18	Sequence 18, App1
42	279.4	3.0	281	3	US-08-424-550B-20	Sequence 20, App1
43	265.6	2.8	3970	2	US-07-925-695-3	Sequence 3, App1
44	265.6	2.8	9589	2	US-07-925-695-1	Sequence 1, App1
45	265.6	2.8	9589	2	US-07-925-695-2	Sequence 2, App1

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-08-639-857-32
Sequence 32, Application US/08639857
Patent No.: 5955318
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Simons, J. N.
APPLICANT: Desai, S. M.
APPLICANT: Mushahar, I. K.
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS USEFUL FOR CONTROLLING THE
TITLE OF INVENTION: TRANSLATION OF HEPATITIS GB PROTEINS
NUMBER OF SEQUENCES: 32
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Abbott Laboratories
STREET: 100 Abbott Park Rd
CITY: Abbott Park
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/639,857
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Forembek, Priscilla E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5793-US, P1
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-0378
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 32:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-639-857-32
Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 2; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

QY	1	ACCAAAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTAG	60
Db	1	ACCAAAACACTCCAGTTTGTATCACTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTAG	60
QY	61	CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCGCGCTGACAAAGGTGAGGCCAACCACTTACTAT	120
Db	61	CAGGCGCTGGGGGATTTCCCTGCGCGCTGACAAAGGTGAGGCCAACCACTTACTAT	120
QY	121	GTAGCGCGCGGACCTCAATGACGCTCGCGTGATGACAAGCGCCAAAGCTTTGATGAGC	180
Db	121	GTAGCGCGCGGACCTCAATGACGCTCGCGTGATGACAAGCGCCAAAGCTTTGATGAGC	180
QY	181	CTGATGCGGCTTCATGCGTTCCGATGCGGTGAGTGACAAAGCGCAAGCTTTAGCTCA	240
Db	181	CTGATGCGGCTTCATGCGTTCCGATGCGGTGAGTGACAAAGCGCAAGCTTTAGCTCA	240
QY	241	CCTCCAGATAGACCGCGCGGACCTGTAGGGAAAGACCGGGACCGGTCACTAACAAAGACG	300
Db	241	CCTCCAGATAGACCGCGCGGACCTGTAGGGAAAGACCGGGACCGGTCACTAACAAAGACG	300
QY	301	CAGA&CTCTTTTATAGTATCAAGCGCTCGGAAAGATTGGGCAAGCCCACTTATATGT	360
Db	301	CAGA&CTCTTTTATAGTATCAAGCGCTCGGAAAGATTGGGCAAGCCCACTTATATGT	360
QY	361	TGGATGCGGTGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATGAGGTCCTTGCGAGGGAT	420
Db	361	TGGATGCGGTGGGGTTAGCCATCCATACCGTACTGCTGATGAGGTCCTTGCGAGGGAT	420
QY	421	CTGGGAGCTCTGTAGACCGGTAGCACATGCTCTGTATTTCTACTAAACAGTCTGTATCC	480
Db	421	CTGGGAGCTCTGTAGACCGGTAGCACATGCTCTGTATTTCTACTAAACAGTCTGTATCC	480
QY	481	TGCGCCCAAGACCGCAAGAACCAAGACAGACGCAAGCTTCATATCTGTGTCATTTAAAC	540
Db	481	TGCGCCCAAGACCGCAAGAACCAAGACAGACGCAAGCTTCATATCTGTGTCATTTAAAC	540
QY	541	ATCTGTTGAAAGGGGACAAACGAGCAAAAGCCGAAAGTCCAGCGCATGCTCGGCTCGTAA	600
Db	541	ATCTGTTGAAAGGGGACAAACGAGCAAAAGCCGAAAGTCCAGCGCATGCTCGGCTCGTAA	600
QY	601	TTACAAAATTCCTGTATCCATGATGAGCTTGCAACATTTGGCTCAAGCTGTTTGGCCAGC	660
Db	601	TTACAAAATTCCTGTATCCATGATGAGCTTGCAACATTTGGCTCAAGCTGTTTGGCCAGC	660
QY	661	TCATGTTGGGGAGCGCCAAAGACCTTCGCAATGATGCTGCAATCTTGGAATCTCTTGGA	720
Db	661	TCATGTTGGGGAGCGCCAAAGACCTTCGCAATGATGCTGCAATCTTGGAATCTCTTGGA	720
QY	721	TTACCCCTTTGGGGTGGATTTGATGATTATCAACTCAACACCTCTAGTAGGCGCGTGT	780
Db	721	TTACCCCTTTGGGGTGGATTTGATGATTATCAACTCAACACCTCTAGTAGGCGCGTGT	780
QY	781	GGCAGAGACCGGTCTTTGACACAGTCTGCAGATGTAGCGTTGCTGAGAGATGAGATCA	840
Db	781	GGCAGAGACCGGTCTTTGACACAGTCTGCAGATGTAGCGTTGCTGAGAGATGAGATCA	840
QY	841	CTGGGCTATCTGTTGGTTCGCTGTCACCTTTTGTGTGATGCTMGCTATCTTTGGCGTG	900
Db	841	CTGGGCTATCTGTTGGTTCGCTGTCACCTTTTGTGTGATGCTMGCTATCTTTGGCGTG	900
QY	901	TCCCTGTATGAGGGGCGCGGTCACCTGACCCAGACAAATACCAATCTGACCAATG	960
Db	901	TCCCTGTATGAGGGGCGCGGTCACCTGACCCAGACAAATACCAATCTGACCAATG	960
QY	961	CTGCCAGCGTATCAGGTTATCTATTTGTTCTTCCACTTGGCTACAGAGCTCGTTG	1020
Db	961	CTGCCAGCGTATCAGGTTATCTATTTGTTCTTCCACTTGGCTACAGAGCTCGTTG	1020
QY	1021	TGTATATCTGTCGAGCGAGTGTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTACACCTTTCCAA	1080
Db	1021	TGTATATCTGTCGAGCGAGTGTGGGTTCCCGCAATCGTACATCTACACCTTTCCAA	1080
QY	1081	TTGACCTGACGAGACTCTCTCTTGCGCTGACCACTGATTTTGTATGGGCGCTCTGT	1140

Db	1081	TTGGACGTGGACCGACATCCCTTCTTGCGTGACCAACATTAATTTTGTATNAGGCGCTCTTGT	1140
Qy	1141	GACCTGTGAGCCCTTTGACATTTGGTGAATGTGTGAGCGCTGNTGTATTAAGTCGTGACTG	1200
Db	1141	GACCTGTGAGCCCTTTGACATTTGGTGAATGTGTGAGCGCTGNTGTATTAAGTCGTGACTG	1200
Qy	1201	GCTTGTGAGGCACTGCGCTTATTTCCATATAGACTTCAATGAATCTGTATACCTTGGA	1260
Db	1201	GCTTGTGAGGCACTGCGCTTATTTCCATAGACCTCAATGAATCTGTATACCTTGGA	1260
Qy	1261	AGTCCCACTGGAATTAATCCTGGGTCCATAGGCTTATATGGGGATATGGCCCGCAAGT	1320
Db	1261	AGTCCCACTGGAATTAATCCTGGGTCCATAGGCTTATATGGGGATATGGCCCGCAAGT	1320
Qy	1321	CGAGGCTGTCACTCTTCTTGACCAAACTGCGCTTCAAGATACCAATACCTTAATTTGCACTAT	1380
Db	1321	CGAGGCTGTCACTCTTCTTGACCAAACTGCGCTTCAAGATACCAATACCTTAATTTGCACTAT	1380
Qy	1381	GTTTGAAGATGTACATTAACCTGCGGCTTGGCGCTCTGATCTTACTAGTCCCTTCGCGGCA	1440
Db	1381	GTTTGAAGATGTACATTAACCTGCGGCTTGGCGCTCTGATCTTACTAGTCCCTTCGCGGCA	1440
Qy	1441	GTGTATACATGTGCTCTTAACGCTTATAGCTTTCATATGAAGCAACCTCTGGAAACCTAT	1500
Db	1441	GTGTATACATGTGCTCTTAACGCTTATAGCTTTCATATGAAGCAACCTCTGGAAACCTAT	1500
Qy	1501	CAGGGTCCCACTGAGATGCTCAATAGCTGAATTTGCTCGCCTTTGATGATACCATGTCC	1560
Db	1501	CAGGGTCCCACTGAGATGCTCAATAGCTGAATTTGCTCGCCTTTGATGATACCATGTCC	1560
Qy	1561	TTGCACTCTTATTTTGAAGTGAATGTGTGAGAAAGTCAATTTGTTCACGTCCAAAGTGAC	1620
Db	1561	TTGCACTCTTATTTTGAAGTGAATGTGTGAGAAAGTCAATTTGTTCACGTCCAAAGTGAC	1620
Qy	1621	CAGGCTTATCACTTAAGATTAACAACTCCATATCTTGGTACCCCTATCAATCCCTGG	1680
Db	1621	CAGGCTTATCACTTAAGATTAACAACTCCATATCTTGGTACCCCTATCAATCCCTGG	1680
Qy	1681	TGCGAGGGGAATGTATGGTTAAATTCAAAATTAACACATGGGGTGTGCGGTATTTCCGAA	1740
Db	1681	TGCGAGGGGAATGTATGGTTAAATTCAAAATTAACACATGGGGTGTGCGGTATTTCCGAA	1740
Qy	1741	TGTCCATCTGTACTGACATAATGGCACTGATGCAAGTGTGAACGACACTGCGAACACTTA	1800
Db	1741	TGTCCATCTGTACTGACATAATGGCACTGATGCAAGTGTGTGAACGACACTGCGAACACTTA	1800
Qy	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACATATGGCTTAACACCGGATGTGCACAAAGGCTCAGGCCGTGA	1860
Db	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACATATGGCTTAACACCGGATGTGCACAAAGGCTCAGGCCGTGA	1860
Qy	1861	ATTGAGCTATATTAACATATCCCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATTTGATGTC	1920
Db	1861	ATTGAGCTATATTAACATATCCCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATTTGATGTC	1920
Qy	1921	AGGCACTTTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATATGTTACTTTATATGACCCCTGTGAA	1980
Db	1921	AGGCACTTTGTATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATATGTTACTTTATATGACCCCTGTGAA	1980
Qy	1981	TTTCACTCTCTTACCAACCGAGAGGTGGCTAGGTGTGCCCCGATACCTGTGTATAGC	2040
Db	1981	TTTCACTCTCTTACCAACCGAGAGGTGGCTAGGTGTGCCCCGATACCTGTGTATAGC	2040
Qy	2041	TGTTTCTTGGTAAACAGGTCCGCAAGGCTTTTACATGATGTGAAGACCTTACGCAACAGG	2100
Db	2041	TGTTTCTTGGTAAACAGGTCCGCAAGGCTTTTACATGATGTGAAGACCTTACGCAACAGG	2100
Qy	2101	ATTGATCACCAAAACAAAGCCTGGAATAATTAATCAGGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC	2160
Db	2101	ATTGATCACCAAAACAAAGCCTGGAATAATTAATCAGGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC	2160
Qy	2161	TTTGTCTCTTAACGGAGTATACCAACAGGCGGTGTGTATTTCTGTTGGGGTTGTGTG	2220

Db 2161 TTTGTCCTTAAGGAGTTACCAACAGGCGGTGCTAATTCTGTGGGGTGTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTATTTTATAGCCTACCTGTACTGTCTCCCTTGTGTTGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTATTTTATAGCCTACCTGTACTGTCTCCCTTGTGTTGGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGGTAACTCTTGGCGTCTGTGTGCTCCATCCAGTGTATCTCCAAAGCTGGGTGGAGATG 2340
Db 2281 TGGTAACTCTTGGCGTCTGTGTGCTCCATCCAGTGTATCTCCAAAGCTGGGTGGAGATG 2340
Qy 2341 TTTGCTTAAAGCTCAAGTAGCTCTTTTGTGCTTGAATTTTCTCATCTGTGCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGCTTAAAGCTCAAGTAGCTCTTTTGTGCTTGAATTTTCTCATCTGTGCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCATAGCTGGGCGCTGCCCT 2460
Db 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCATAGCTGGGCGCTGCCCT 2460
Qy 2461 AACTTTCTTTTGTGACAGCTGCTGCCCAACCAATTAATGACTGTGGGTGCGACTGCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTTTGTGACAGCTGCTGCCCAACCAATTAATGACTGTGGGTGCGACTGCT 2520
Qy 2521 AGTGCAGGGTAGTTTGTGGGCGGCGGTAAACGTGGTCAACGCTATAGCTGTGCTGT 2580
Db 2521 AGTGCAGGGTAGTTTGTGGGCGGCGGTAAACGTGGTCAACGCTATAGCTGTGCTGT 2580
Qy 2581 AGGTCTTGCCCTCTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTAGCGCTGCTTACG 2640
Db 2581 AGGTCTTGCCCTCTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGTAGCGCTGCTTACG 2640
Qy 2641 TTTTATACCGAATTAATTGAGGGCTGACAAATCAACCTGTATAGCATTAAGTTGTAT 2700
Db 2641 TTTTATACCGAATTAATTGAGGGCTGACAAATCAACCTGTATAGCATTAAGTTGTAT 2700
Qy 2701 GTCGTGTTGGCTCTTTGCTCACTGTATACCTGTGCTGTGCTTAACTTCTATCT 2760
Db 2701 GTCGTGTTGGCTCTTTGCTCACTGTATACCTGTGCTGTGCTTAACTTCTATCT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGTGGAGAAATGGTTTGTGAAAGCTTACATAAGACCGAGAGGTTTCTCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTGGAGAAATGGTTTGTGAAAGCTTACATAAGACCGAGAGGTTTCTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTGTTTCCCGGTGGCAATATGACGCGCTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTGTTTCCCGGTGGCAATATGACGCGCTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTGTATGTTAAATCCAGTGCAGATCGTTCTTTGGGAGTGAATCTAGGCT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTGTATGTTAAATCCAGTGCAGATCGTTCTTTGGGAGTGAATCTAGGCT 2940
Qy 2941 TAGGCGCATAGAAATGTGTGCGCTCTCGAAAGTGTATGCTTGTCTCATTTATGT 3000
Db 2941 TAGGCGCATAGAAATGTGTGCGCTCTCGAAAGTGTATGCTTGTCTCATTTATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGTTGTGTGAAATGTGTGTCTTATTAAGCACTTGCA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGTTGTGTGAAATGTGTGTCTTATTAAGCACTTGCA 3060
Qy 3061 TGGTGAATCTTGGCTATATGATTTTGGCTCGAAATACATATGCAAGGCCATTTTCCC 3120
Db 3061 TGGTGAATCTTGGCTATATGATTTTGGCTCGAAATACATATGCAAGGCCATTTTCCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGAGCTGTGGGTGGGAAAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGAGCTGTGGGTGGGAAAC 3180
Qy 3181 GGTGATAGTTTGGCGGTGTGGCGCTCTGCGCACTTGTTCGAGGGTTAGCTAT 3240
Db 3181 GGTGATAGTTTGGCGGTGTGGCGCTCTGCGCACTTGTTCGAGGGTTAGCTAT 3240
Qy 3241 GCCCGCAATAGGAGGCAATTAACCGCACTTTTACGTCGAGTGTCTCTGAACGTGG 3300
Db 3241 GCCCGCAATAGGAGGCAATTAACCGCACTTTTACGTCGAGTGTCTCTGAACGTGG 3300

Qy 3301 CACGCTGTACAGATGAGCAGTGTATGATCTGTATAGACCCCGGAATTTGACTGGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTACAGATGAGCAGTGTATGATCTGTATAGACCCCGGAATTTGACTGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAATTAGATTTCTGGCCATAGCTACATGGGATTTGTTGTGACACGTGTT 3420
Db 3361 TATCTTCAATTAGATTTCTGGCCATAGCTACATGGGATTTGTTGTGACACGTGTT 3420
Qy 3421 GTATACGCTACATAGGACAGAGGGGCGGTGTGCTATCCACAGGCTATATA 3480
Db 3421 GTATACGCTACATAGGACAGAGGGGCGGTGTGCTATCCACAGGCTATATA 3480
Qy 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAAATGACACAGACATCTATCAACCAATGATGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAAATGACACAGACATCTATCAACCAATGATGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTGTGTGCTTTTGGGGGAGACCAAGGGTATCTGTATACACGACTGGGCTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTGTGTGCTTTTGGGGGAGACCAAGGGTATCTGTATACACGACTGGGCTC 3600
Qy 3601 ATTGGTTGAGGTCAACAAATCCAGTACCTTTATGTTGTGTGGGGGCGCTTCCAT 3660
Db 3601 ATTGGTTGAGGTCAACAAATCCAGTACCTTTATGTTGTGTGGGGGCGCTTCCAT 3660
Qy 3661 GGTGTTGGCCAAAGGTTCTTTCAGGTGCCCGATTTCTGTCTCTCCGGGCAATGTTATTGG 3720
Db 3661 GGTGTTGGCCAAAGGTTCTTTCAGGTGCCCGATTTCTGTCTCTCCGGGCAATGTTATTGG 3720
Qy 3721 GATGTTACCGCTGTGAAATTTCTGGGCTTCACTCATGTCATGATTAAGGTTAGCCGCTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGCTGTGAAATTTCTGGGCTTCACTCATGTCATGATTAAGGTTAGCCGCTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGTGATACCAATCCCAAGTACAGCAATCCCACTCTGTATACAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGATACCAATCCCAAGTACAGCAATCCCACTCTGTATACAAACCTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTACAGATTTCACTGCAAAATTTTATTTGCCCACTGGCAGCGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTACAGATTTCACTGCAAAATTTTATTTGCCCACTGGCAGCGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTAACCTTTCTTATCATGACAGAGATATGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCTTTCTTATCATGACAGAGATATGAGTCTTGTGCTTAAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGTCAACACGATCAATGCCAAAGTACATGACAGCGCAATGCGCGGTGAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGTCAACACGATCAATGCCAAAGTACATGACAGCGCAATGCGCGGTGAATCCAAATTTG 4020
Qy 4021 CTATTTTAAATGGCAATGTACCAACAGAGGGCTTCACTTACGTACACACATATGAGAT 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGGCAATGTACCAACAGAGGGCTTCACTTACGTACACACATATGAGAT 4080
Qy 4081 GTACCTGACCGAGACATGTTCCCGAACTATGAGTCACTTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGAGACATGTTCCCGAACTATGAGTCACTTTGTGACGAATGCCATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACACCGTTTGGGCAATTTGAAAGGCTTACCGAAGCTCATCCAAATA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGTTTGGGCAATTTGAAAGGCTTACCGAAGCTCATCCAAATA 4200
Qy 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTTCGACAGGCTAACCCCTGAGATTAATCCCTACACCATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTTCGACAGGCTAACCCCTGAGATTAATCCCTACACCATGC 4260
Qy 4261 CAACATTAATGAGATTTAATTAACCGATGAAGGCACTATCCCTTTCATGGAATAAGAT 4320
Db 4261 CAACATTAATGAGATTTAATTAACCGATGAAGGCACTATCCCTTTCATGGAATAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAATATGAAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTCCAAATAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAATATGAAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTCCAAATAACCTG 4380

4381 TGATGAGCTTGCATACGATTAGCTGAAAGGAAATTAACAGCGTGTCTTACTATAGGGG 4440
4381 TATGAGCTTGGTAAAGAGTATAGCTGAAAGGAAATTAACAGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
4441 ATGTGACATCTGAAAAATCCCTGAGGGCGCATGTGTAGTAGTGGCCATGATGCCCTTGTG 4500
4441 ATGTGACATCTGAAAAATCCCTGAGGGCGCATGTGTAGTAGTGGCCATGATGCCCTTGTG 4500
4501 TACAGGGTACACTGTGTGACTTTGATTCGGTGTATGACCTGCACCTCATGTGTAGAGGCAC 4560
4501 TACAGGGTACACTGTGTGACTTTGATTCGGTGTATGACCTGCACCTCATGTGTAGAGGCAC 4560
4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCCATCTTGAACATGGGTGTGCGTGTGAGGGGTTTCAAC 4620
4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCCATCTTGAACATGGGTGTGCGTGTGAGGGGTTTCAAC 4620
4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTATGAGGGCGGCACAGGCCGTGAGAGAGCTGAGCATATACTACTA 4680
4621 AATAGTTAAAGCCAGCGTATGAGGGCGGCACAGGCCGTGAGAGAGCTGAGCATATACTACTA 4680
4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTCCGGTATGCTTCTGTAATGCACATGTTGAAAGCCTT 4740
4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTCCGGTATGCTTCTGTAATGCACATGTTGAAAGCCTT 4740
4741 CGACGAGCCAAAGGCATGTGTATGTGTATCATCAGAAAGCTCAATTTCTGAGAC 4800
4741 CGACGAGCCAAAGGCATGTGTATGTGTATCATCAGAAAGCTCAATTTCTGAGAC 4800
4801 CTATCCGACCCAACTGAGGTATCTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
4801 CTATCCGACCCAACTGAGGTATCTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
4861 CTTTCTATGTGTCAACCCCGAACCTTTCATTTGTCAATCTGCAAAAAAGAACTGTCTGACAA 4920
4861 CTTTCTATGTGTCAACCCCGAACCTTTCATTTGTCAATCTGCAAAAAAGAACTGTCTGACAA 4920
4921 TTAATGTTTGTGACGTGACGCCCACTAACAATGTGTCAATGATAGGCTATGCTGTCC 4980
4921 TTAATGTTTGTGACGTGACGCCCACTAACAATGTGTCAATGATAGGCTATGCTGTCC 4980
4981 CAATGACGACACAGGTGACAGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACTTGTGTGGGTTCTGTG 5040
4981 CAATGACGACACAGGTGACAGGAGCCCGGCTTGGAAAAAACTTGTGTGGGTTCTGTG 5040
5041 GCGCTTGAAGCGGCTGTGACGCTGTCTTGGCCAGACGCCAGAGGTATCCAGATACCA 5100
5041 GCGCTTGAAGCGGCTGTGACGCTGTCTTGGCCAGACGCCAGAGGTATCCAGATACCA 5100
5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGACAGCCGCACTGCTGTGTGGCCTTGAAGT 5160
5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATCTTGTGGACAGCCGCACTGCTGTGTGGCCTTGAAGT 5160
5161 GCGTATGAGCTTATCTAGCACTTGAACATTTGGGCGCACTTGTGTGCGGCGTGTCTGTC 5220
5161 GCGTATGAGCTTATCTAGCACTTGAACATTTGGGCGCACTTGTGTGCGGCGTGTCTGTC 5220
5221 TATTTACATGAGTCCCTACCGGTCTACTGTGCGCCAGATGTTGACGAAAGAAAAATCGT 5280
5221 TATTTACATGAGTCCCTACCGGTCTACTGTGCGCCAGATGTTGACGAAAGAAAAATCGT 5280
5281 GAGGAGTGTGATCATTTCAATTCCTTGGAGGCAATGTTGCGCAATGATAGTAAAGTGA 5340
5281 GAGGAGTGTGATCATTTCAATTCCTTGGAGGCAATGTTGCGCAATGATAGTAAAGTGA 5340
5341 GAGTACATACACCAACTAGTCTTTCATTTGCAATGAAACCGCCTTGAAAACTTAACAC 5400
5341 GAGTACATACACCAACTAGTCTTTCATTTGCAATGAAACCGCCTTGAAAACTTAACAC 5400
5401 CTTTCTTGGGCTCATGACAGCTCAATCTTGTGTATCATAGATTTGCTGTCTTAACT 5460
5401 CTTTCTTGGGCTCATGACAGCTCAATCTTGTGTATCATAGATTTGCTGTCTTAACT 5460
5461 CACTTTACCGAATCCCTTGTGATCATGCGTGTGCTTCAATGGCGGATTAATCTAC 5520

5461 CACTTTACCGAATCCCTTGTGATCATGCGTGTGCTTCAATGGCGGATTAATCTAC 5520
5521 CCCACTACTCAACAATCAAAATTTCTGTCTATTAATTTGAGGCGCAATGCGTCCA 5580
5521 CCCACTACTCAACAATCAAAATTTCTGTCTATTAATTTGAGGCGCAATGCGTCCA 5580
5581 GCTTACACGCTAGAGGCGCATGTGCGGTTGATGATGCGGCGGCTGCGGAAACAGCTT 5640
5581 GCTTACACGCTAGAGGCGCATGTGCGGTTGATGATGCGGCGGCTGCGGAAACAGCTT 5640
5641 TGTATCATGACATCGGTGTGAGTGTGCTTGTGACATGCTAGGCGCTATGCTGCCCTC 5700
5641 TGTATCATGACATCGGTGTGAGTGTGCTTGTGACATGCTAGGCGCTATGCTGCCCTC 5700
5701 ATCCACTGCTGTGACATTTAAATGCTGTATGAGGTGAGTGGCCCACTATGATCAGCT 5760
5701 ATCCACTGCTGTGACATTTAAATGCTGTATGAGGTGAGTGGCCCACTATGATCAGCT 5760
5761 TGTGCTTTAGTCTACTCGGCTTCAATCCGGCGGACAGGAGTGTGAGGCGCTGTGTACAC 5820
5761 TGTGCTTTAGTCTACTCGGCTTCAATCCGGCGGACAGGAGTGTGAGGCGCTGTGTACAC 5820
5821 TGTGCAATGTTTGTGCTTGTGACAAACAGAGGCGCAGATCATGCGCCCAACAGACTTTAC 5880
5821 TGTGCAATGTTTGTGCTTGTGACAAACAGAGGCGCAGATCATGCGCCCAACAGACTTTAC 5880
5881 TATGCTTGTAGAGCAACCTGTATGTATGATGATCTTATTTGCGACTGTGACATCCG 5940
5881 TATGCTTGTAGAGCAACCTGTATGTATGATGATCTTATTTGCGACTGTGACATCCG 5940
5941 CAGGAAGATCTGGGCAATTTCTGAGAGCATCTACCCCTGAGAGTCAATGACGTTGCAT 6000
5941 CAGGAAGATCTGGGCAATTTCTGAGAGCATCTACCCCTGAGAGTCAATGACGTTGCAT 6000
6001 CCGTGTGCTCACAACCCGACAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAGAT 6060
6001 CCGTGTGCTCACAACCCGACAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTGAAGAT 6060
6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6121 GAGCATTGTTAATTTCTGTTGTCTTCTTCAACGCTGCCAAGAGGGTATCAAGGGCCC 6180
6121 GAGCATTGTTAATTTCTGTTGTCTTCTTCTTCAACGCTGCCAAGAGGGTATCAAGGGCCC 6180
6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTCCAAAGCAGCTGTCCATGCGGTGCTGAACCTATCTTTTC 6240
6181 CTGATTTGATCAGGTATGCTCCAAAGCAGCTGTCCATGCGGTGCTGAACCTATCTTTTC 6240
6241 TGTGAGAAATGTTTTGCAAAAATTTTCAAAAGACCCAGAACTTGTTCAAATTAACGAG 6300
6241 TGTGAGAAATGTTTTGCAAAAATTTTCAAAAGACCCAGAACTTGTTCAAATTAACGAG 6300
6301 AGGGGCTGTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGAGTACAGCCGACCCCACTGATTG 6360
6301 AGGGGCTGTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGAGGCTGAGTACAGCCGACCCCACTGATTG 6360
6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGAGGCTTAACTGTAATATGAGAAATTTGGAGAG 6420
6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGAGGCTTAACTGTAATATGAGAAATTTGGAGAG 6420
6421 TCAATTTTGTTAACAGCATATCTCTTCCAAATGTCTGTTCACCCAGAGTCCCAAC 6480
6421 TCAATTTTGTTAACAGCATATCTCTTCCAAATGTCTGTTCACCCAGAGTCCCAAC 6480
6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCGGTGAGAGGCTTAAAGGTTCTAGTGTATCTAGGTAGGCCAA 6540
6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCGGTGAGAGGCTTAAAGGTTCTAGTGTATCTAGGTAGGCCAA 6540
6541 AACTCTTGAACGACATGCTTGTGTATCGGTCTGACGCTTAAGGGTAAACTGTAA 6600
6541 AACTCTTGAACGACATGCTTGTGTATCGGTCTGACGCTTAAGGGTAAACTGTAA 6600

Db	6541	AACTCCTTGGACGACATCTGCTTCTGCTTACGGTCCGACGGGTAAAGGTAACCTGTTAA	6600
Qy	6601	GCTTCCCTTCCGGGTGAGCGTTCACACACTGTGTGGCATGACCACTTAAATTTGCTGTGA	6660
Db	6601	GCTTCCCTTCCGGGTGAGCGTTCACACACTGTGTGGCATGACCACTTAAATTTGCTGTGA	6660
Qy	6661	TGCATTTGAGACAATGACTGTAAATTCACAAACAACACTCCTAGTATGAAGCCGCAGT	6720
Db	6661	TGCATTTGAGACAATGACTGTAAATTCACAAACAACACTCCTAGTATGAAGCCGCAGT	6720
Qy	6721	GTCGGCTGTGTTTTCAAAACAGAGTGGGGGTTCAAAACAATTGCTTTGAGGCAATTC	6780
Db	6721	GTCGGCTGTGTTTTCAAAACAGAGTGGGGGTTCAAAACAATTGCTTTGAGGCAATTC	6780
Qy	6781	AGCTGCGCTTGAACACCACAAACTGCGACCCCTCCATCGAAGAGTATGTATGAAGA	6840
Db	6781	AGCTGCGCTTGAACACCACAAACTGCGACCCCTCCATCGAAGAGTATGTATGAAGA	6840
Qy	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTCGTTACTTGGCTCCCTCCGAGATCCGTCC	6900
Db	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACTGTTCGTTACTTGGCTCCCTCCGAGATCCGTCC	6900
Qy	6901	AGGAGGTATATGTCGAAAGGCTGCAAGAGTACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACT	6960
Db	6901	AGGAGGTATATGTCGAAAGGCTGCAAGAGTACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACT	6960
Qy	6961	CCCTCCTTACACACTGTCTACAGTTGGCCATGCGCATGCCCCCTGTTGGAGCGGCTGA	7020
Db	6961	CCCTCCTTACACACTGTCTACAGTTGGCCATGCGCATGCCCCCTGTTGGAGCGGCTGA	7020
Qy	7021	GTGTAACTCTTCACTGCAATTGATGTGCAATGACGAAACAGCGGAGGCCCTGATGA	7080
Db	7021	GTGTAACTCTTCACTGCAATTGATGTGCAATGACGAAACAGCGGAGGCCCTGATGA	7080
Qy	7081	TTTATCCCACTTACCCCTCCCAAAAAGAGGCTCTGTAATGTGCAACGAAATTTGCTGCAC	7140
Db	7081	TTTATCCCACTTACCCCTCCCAAAAAGAGGCTCTGTAATGTGCAACGAAATTTGCTGCAC	7140
Qy	7141	GGCTAACACCGTTTCCAGCTACGTTACTGACCCTCCGTAACCTTAAGATACGGGAAAAGA	7200
Db	7141	GGCTAACACCGTTTCCAGCTACGTTACTGACCCTCCGTAACCTTAAGATACGGGAAAAGA	7200
Qy	7201	TTTCACTCAGTCAGCCCCCGCAAAACGGCTTCAAAAAAGAGTTGGAAAGAGTGAGTT	7260
Db	7201	TTTCACTCAGTCAGCCCCCGCAAAACGGCTTCAAAAAAGAGTTGGAAAGAGTGAGTT	7260
Qy	7261	TTTGTGACACATGAGTAACTCTGGAACGCACTGTATGTTCAAAACCTGCTTCTTAAAGT	7320
Db	7261	TTTGTGACACATGAGTAACTCTGGAACGCACTGTATGTTCAAAACCTGCTTCTTAAAGT	7320
Qy	7321	TTCTGTGTGCACTCGGGCCATCACTATGTGTTTCTTCAAAACAAGATCATTTGGTGTATGT	7380
Db	7321	TTCTGTGTGCACTCGGGCCATCACTATGTGTTTCTTCAAAACAAGATCATTTGGTGTATGT	7380
Qy	7381	GACTGAGCGCGGAGTGGCGACTTATGAAAACAAAAGTCACTATTAATGACAACCTCT	7440
Db	7381	GACTGAGCGCGGAGTGGCGACTTATGAAAACAAAAGTCACTATTAATGACAACCTCT	7440
Qy	7441	GTTTCCCCCATCATACACAAACAGTGAATGGCTTAAGAAAAAGTTCAAAAATTGT	7500
Db	7441	GTTTCCCCCATCATACACAAACAGTGAATGGCTTAAGAAAAAGTTCAAAAATTGT	7500
Qy	7501	CGGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAAGTACAGCGCCCTCTTAAATGTCTGAAGTC	7560
Db	7501	CGGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAAGTACAGCGCCCTCTTAAATGTCTGAAGTC	7560
Qy	7561	CCACATCACTGGCTTCCGGGCACTGATGTTGTTCTGAGACAGCCCGCAAGGCTGTCTT	7620
Db	7561	CCACATCACTGGCTTCCGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGAGCCCGCAAGGCTGTCTT	7620
Qy	7621	GGACTTGGCAAGTGTGTGAGGCGAGTGAATCCGAGTCAATTTCGGCAAACTGTGAT	7680
Db	7621	GGACTTGGCAAGTGTGTGAGGCGAGTGAATCCGAGTCAATTTCGGCAAACTGTGAT	7680

QY	7661	AGTTCCAAAGGAGGAGGTCTTTCGTGAAGACCCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCCAG	7740
Db	7661	AGTTCCAAAGGAGGAGGTCTTTCGTGAAGACCCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCCAG	7740
QY	7741	GCTTATCTCGAACCCCACTTGAAGATGATGTGTGAAGAGATGTACTACGGTCAGGT	7800
Db	7741	GCTTATCTCGAACCCCACTTGAAGATGATGTGTGAAGAGATGTACTACGGTCAGGT	7800
QY	7801	TGCTTCCTGACGTAGTTAAAGCTGTGCATGCGAGATGCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC	7860
Db	7801	TGCTTCCTGACGTAGTTAAAGCTGTGCATGCGAGATGCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC	7860
QY	7861	CCGATGCAAGGAGTCTGTTGTGCATGATGAGTCAACCCGATGACAGTGGAGCCACATGCGATAC	7920
Db	7861	CCGATGCAAGGAGTCTGTTGTGCATGATGAGTCAACCCGATGACAGTGGAGCCACATGCGATAC	7920
QY	7921	AGTGTGTTTGAACGTACCATGACACCCAGAGATATCATGATGAGACAGACATCTACTC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTGAACGTACCATGACACCCAGAGATATCATGATGAGACAGACATCTACTC	7980
QY	7991	AGCAGCTTAAATCTGATGACCAACACCGAGCTGGATTCACACCATTCGCGAGGAGTTATA	8040
Db	7991	AGCAGCTTAAATCTGATGACCAACACCGAGCTGGATTCACACCATTCGCGAGGAGTTATA	8040
QY	8041	CGCTGAGAGACCGATGATTCGCTTATGATGAGCCGAGATGCGATATGTAGTGTAGTGC	8100
Db	8041	CGCTGAGAGACCGATGATTCGCTTATGATGAGCCGAGATGCGATATGTAGTGTAGTGC	8100
QY	8101	TTCCGGCGGTCTATCTACCTCCAGTTCACACAGTTTGAACCTGCTGAGAGTTAAATGC	8160
Db	8101	TTCCGGCGGTCTATCTACCTCCAGTTCACACAGTTTGAACCTGCTGAGAGTTAAATGC	8160
QY	8161	TGACGCCGAACAGAGCTGAGCAAGAAACCCCTGCTTCTTAAATTCGCGAGATGATGCAC	8220
Db	8161	TGACGCCGAACAGAGCTGAGCAAGAAACCCCTGCTTCTTAAATTCGCGAGATGATGCAC	8220
QY	8221	CGTAAATTTGGAAGAGCGCCGAGAGCATGTGACAAACAGCAATGCGTCTTTGCTAG	8280
Db	8221	CGTAAATTTGGAAGAGCGCCGAGAGCATGTGACAAACAGCAATGCGTCTTTGCTAG	8280
QY	8281	CTGATAGTAAGTGTATGAGTGCACCAACAAATGTCCTCCAAACCAATACAGTTTGA	8340
Db	8281	CTGATAGTAAGTGTATGAGTGCACCAACAAATGTCCTCCAAACCAATACAGTTTGA	8340
QY	8341	AGAATTAACATCATGCTCATCAATGTTTACCTCTGCAATTACCAAAAGTGGCAAGCTTAA	8400
Db	8341	AGAATTAACATCATGCTCATCAATGTTTACCTCTGCAATTACCAAAAGTGGCAAGCTTAA	8400
QY	8401	CTACTTTCTTACAAAGAGATCCTGATCCTCCCTTGGCAGGTGCTCTGCGAGGTCCTGGG	8460
Db	8401	CTACTTTCTTACAAAGAGATCCTGATCCTCCCTTGGCAGGTGCTCTGCGAGGTCCTGGG	8460
QY	8461	ATAACACCCCAAGTCTGCGTGAATGGGATTCCTAATCATCACTACCAACAGTTTGTGGGT	8520
Db	8461	ATAACACCCCAAGTCTGCGTGAATGGGATTCCTAATCATCACTACCAACAGTTTGTGGGT	8520
QY	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTACATGAGACAGATGCTCTTTGAGGACAAACTTCCCGA	8580
Db	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCCATTTACATGAGACAGATGCTCTTTGAGGACAAACTTCCCGA	8580
QY	8581	GACGCTAACCTTTGACCTGTGATGGGAAATTTATACGATGCGCTGTGAAAGATCTGGCCAG	8640
Db	8581	GACGCTAACCTTTGACCTGTGATGGGAAATTTATACGATGCGCTGTGAAAGATCTGGCCAG	8640
QY	8641	CATCATTTGCTGTGTGACCGGTATTTGAGGCTTTCTCGTGTGTGCGGCTAACCAACGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTGCTGTGTGACCGGTATTTGAGGCTTTCTCGTGTGTGCGGCTAACCAACGCTGA	8700
QY	8701	GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACGACCCCTCTGAGACCTTGGCG	8760
Db	8701	GATCCTCAGAGTTTCCCAATCACTAACAGACATGACGACCCCTCTGAGACCTTGGCG	8760

```
QY 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCCAGCCCAAGAGGCGTGCGGAGACACAGCAAAATT 8820
D 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCTCGCCAGCCCAAGAGGCGTGGCGAGACACAGCAAAATT 8820
QY 8821 GGCTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 8880
D 8821 GGCTGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 8880
QY 8881 CGTGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 8940
D 8881 CGTGGCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT 8940
QY 8941 TTTTACACACAGAGAGATTTGAGAAAGTTCTCTGGAAGTATTTGGCTGTCTATTTT 9000
D 8941 TTTTACACACAGAGAGATTTGAGAAAGTTCTCTGGAAGTATTTGGCTGTCTATTTT 9000
QY 9001 TGCCCTAGGCGCTCATTTGCTGTGATTTAGCATCATCACTGAACCCCAAAATTCAAAATTAA 9060
D 9001 TGCCCTAGGCGCTCATTTGCTGTGATTTAGCATCATCACTGAACCCCAAAATTCAAAATTAA 9060
QY 9061 CTACAG---TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGGCGCAAGGCGGAGCCCC 9116
D 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGGCGCAAGGCGGAGCCCC 9120
QY 9117 GGGCTTAAGGAGCCCGC 9133
D 9121 GGGCTTAAGGAGCCCGC 9137
```

RESULT 2

US-08-469-260A-390
Sequence 390, Application US/08469260A

Patent No. 6451578

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: JOHN N. SIMONS

APPLICANT: TAMI J. PILOT-MATIAS

APPLICANT: GEORGE J. DAWSON

APPLICANT: GEORGE G. SCHLAUDER

APPLICANT: SURESH M. DESAI

APPLICANT: THOMAS P. LEARY

APPLICANT: ANTHONY SCOTT MUEHRHOF

APPLICANT: JAMES C. ERKER

APPLICANT: SHERI L. BUTIK

TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS

TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE

NUMBER OF SEQUENCES: 716

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D

STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD

CITY: ABBOTT PARK

STATE: IL

COUNTRY: USA

ZIP: 60064-3500

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

SOFTWARE: Patent in Release #1.0, Version #1.25

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/469,260A

FILING DATE:

CLASSIFICATION:

PRIOR APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/424,550

FILING DATE:

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: FOREMBSKI, PRISCILLA E.

REGISTRATION NUMBER: 33,207

REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: 708-937-6365

TELEFAX: 708-938-2623

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-469-260A-390

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

```
QY 1 ACCAACAACACTCCGATTTGTTTACACTCCGCTAGAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
D 1 ACCAACAACACTCCGATTTGTTTACACTCCGCTAGAGAAATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
QY 61 CAGGCGTGGGGGATTTCCCTGCGCTGTCGAGAGAGGTGAGCCAAACACCTTAGTAT 120
D 61 CAGGCGTGGGGGATTTCCCTGCGCTGTCGAGAGAGGTGAGCCAAACACCTTAGTAT 120
QY 121 GTAGGCGCGGAGCTCATGACGCTGCGGTGATGACAAGCGCCAACTTGAATGAGC 180
D 121 GTAGGCGCGGAGCTCATGACGCTGCGGTGATGACAAGCGCCAACTTGAATGAGC 180
QY 181 CCTGATGGGCGTTTCATGAGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
D 181 CCTGATGGGCGTTTCATGAGGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGAGAAAGCCGGGAGCCGCTACTACCAAGAGC 300
D 241 CCTCCAGATAGAGCGGCGGCACTGTAGGAGAAAGCCGGGAGCCGCTACTACCAAGAGC 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTGATCATGCGCTCCGGAAGTGTGGGCAAGCCCACTTATATGT 360
D 301 CAGACCTCTTTTGTGATCATGCGCTCCGGAAGTGTGGGCAAGCCCACTTATATGT 360
QY 361 TGGGATGGTGGGGTTAGCCATCATCCGCTAGTGGGCTTGGGAGGGAGT 420
D 361 TGGGATGGTGGGGTTAGCCATCATCCGCTAGTGGGCTTGGGAGGGAGT 420
QY 421 CTGGAGTCTCTGTAGACGCTGACACATGCTTATTTTACTCAAAAGTCTGTACC 480
D 421 CTGGAGTCTCTGTAGACGCTGACACATGCTTATTTTACTCAAAAGTCTGTACC 480
QY 481 TCGGCCAGAACCGCGAAGAACAGACAGCGAGCTTATATCTGTGTCCATTAAAC 540
D 481 TCGGCCAGAACCGCGAAGAACAGACAGCGAGCTTATATCTGTGTCCATTAAAC 540
QY 541 ATCTGTGAAGGGGACAAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
D 541 ATCTGTGAAGGGGACAAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
QY 601 TTACAAAATTTGCTGATCCATGATGCTTGTGACATTTGCTGAGCTGCTTGTGCAC 660
D 601 TTACAAAATTTGCTGATCCATGATGCTTGTGACATTTGCTGAGCTGCTTGTGCAC 660
QY 661 TATGTTGGGAGCGCAAGACCTTCGCAATAGTCTGCCAATCTTGAATCTTTCTGA 720
D 661 TATGTTGGGAGCGCAAGACCTTCGCAATAGTCTGCCAATCTTGAATCTTTCTGA 720
QY 721 TTAACCTTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
D 721 TTAACCTTTGGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
QY 781 GGCAGAGAGGCTGTTCCAGCAGTCTGCGAGATAGTACCTTGTGAGAGATGAGTCAA 840
D 781 GGCAGAGAGGCTGTTCCAGCAGTCTGCGAGATAGTACCTTGTGAGAGATGAGTCAA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 900
D 841 CTGGGCTACTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 900
```

QY	901	TCCTCTATATGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACAACAAATACCACAAATCTTGACCAATTGG	960
Db	901	TCCCTGTATATGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACAACAAATACCACAAATCTTGACCAATTGG	960
QY	961	CTGCAGACGTATACAGGTATCTATGTCTCTCTTCCACTTGACCTAACAGACCTGGTTG	1021
Db	961	CTGCAGACGTATACAGGTATCTATGTCTCTCTTCCACTTGACCTAACAGACCTGGTTG	1021
QY	1021	TGTGATCTGTGCGAGACGAGTGTGGGTTCCGCGCAATCCGTAACATCTGCACACCTTCCAA	1080
Db	1021	TGTGATCTGTGCGCGAGACGAGTGTGGGTTCCGCGCAATCCGTAACATCTGCACACCTTCCAA	1080
QY	1081	TTGGACTGGCAGGGACTCCTTTTGGCTGACCAACATGTATTTTGTATAGGGGCTCTGT	1141
Db	1081	TTGGACTGGCAGGGACTCCTTTTGGCTGACCAACATGTATTTTGTATAGGGGCTCTGT	1141
QY	1141	GACCTGTGACGCGCCCTTGACATGTGTGTGTGTGTGTGTGTATAGTACGTGACCTG	1201
Db	1141	GACCTGTGACGCGCCCTTGACATGTGTGTGTGTGTGTGTGTATAGTACGTGACCTG	1201
QY	1201	GCTTGTCAAGGACTGAGCTTATTCACATAGACCTCAATGAACTGTGATCTTGTATCTGGA	1261
Db	1201	GCTTGTCAAGGACTGAGCTTATTCACATAGACCTCAATGAACTGTGATCTTGTATCTGGA	1261
QY	1261	AGTGCCTCACTGGAAATATGATCTCTGGGTTCTTACGGGTTTATCGGGTGAATAGCCGCAAGT	1321
Db	1261	AGTGCCTCACTGGAAATATGATCTCTGGGTTCTTACGGGTTTATCGGGTGAATAGCCGCAAGT	1321
QY	1321	CGAGGCTGTCAATCTTCTTGACCAACTGGCTTCACAAAGACATATGCGTATGGGACATAT	1381
Db	1321	CGAGGCTGTCAATCTTCTTGACCAACTGGCTTCACAAAGTACATATGCGTATGGGACATAT	1381
QY	1381	GTTTAGCAGTGTACATACCTTGGCGGTTGGCGCTCTGTATCTTACTATGCTCTCGGGGCAA	1441
Db	1381	GTTTAGCAGTGTACATACCTTGGCGGTTGGCGCTCTGTATCTTACTATGCTCTCGGGGCAA	1441
QY	1441	GTGGTATCACTTGTCTCTTACGCGCTTATGCTTTACATAGAGCGACTCTGAAACCTTAT	1501
Db	1441	GTGGTATCACTTGTCTCTTACGCGCTTATGCTTTACATAGAGCGACTCTGAAACCTTAT	1501
QY	1501	CAGGATGGCCACTGTGATGCTCAATATGCTGAGTTTGTTCGCGCTTGATGATATCAATATGCC	1561
Db	1501	CAGGATGGCCACTGTGATGCTCAATATGCTGAGTTTGTTCGCGCTTGATGATATCAATATGCC	1561
QY	1561	TTGCCACTCTTATTTTGAAGTAGAATGTGTCAAGAACTCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGAAC	1621
Db	1561	TTGCCACTCTTATTTTGAAGTAGAATGTGTCAAGAACTCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGAAC	1621
QY	1621	CAGGCTCTATCACTCTAGAGTATATCAATCTCATCTTGTATACCCCTTATCAATCTCTGG	1681
Db	1621	CAGGCTCTATCACTCTAGAGTATATCAATCTCATCTTGTATACCCCTTATCAATCTCTGG	1681
QY	1681	TGCGAGGGGATGTATGTATTAATTCAAAATATACACATGGGGTGTCTGCGGATTCGGAA	1741
Db	1681	TGCGAGGGGATGTATGTATTAATTCAAAATATACACATGGGGTGTCTGCGGATTCGGAA	1741
QY	1741	TGTGCATCTGACTGCACTATATGGGCACTGATGCACTGTGGAACGACACTCCGACACATTTA	1801
Db	1741	TGTGCATCTGACTGCACTATATGGGCACTGATGCACTGTGGAACGACACTCCGACACATTTA	1801
QY	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGCGCTAACCAACGCGATGGCAACAGGCTGACGCTCGAA	1861
Db	1801	CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGCGCTAACCAACGCGATGGCAACAGGCTGACGCTCGAA	1861
QY	1861	ATTGGCTATATTAACAATACCTCTGGGTCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATATCTC	1921
Db	1861	ATTGGCTATATTAACAATACCTCTGGGTCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATATCTC	1921
QY	1921	AGGCAATTTGATTTTGTGAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGTGAA	1981
Db	1921	AGGCAATTTGATTTTGTGAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGTGAA	1981
QY	1981	TTTCAACTCTTACCAACGGAAGGTGGCTAGTTTGCCTGGTATCCCACTGTGTGATCG	2041

Dp	1961	TTCACTCTCCACACCGAGAGGTGGACTAGTGTGCGGTACCCACCTGTGTACG	2041	TGGTCTTGGTTACAGGTTTCGCAAGGGTTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTAGCCACAG	2101	ATTGATCAACCAAGACAAGCCCTGGAAAATAATATCAGGTCCTTAATATTCGCCACGGGTGC	2161	TTTGTCTTTACGGGAGTTACCAACGAAGCCGTGGTGTCTAATCTGTGTGGGTTGTGCG	2221	CAGCAAGATCTAATTTATAGCTACCTCTGTATCTGTTCCTTTGTGTTGGGCGGCTTC	2281	TGTTTACCCTTTCGGCTGTGTCTGTGCTCCATCCAGTCGATCTCCAAAGCTGGCTGGAGAT	2341	TTTGTCTTAACTCAAGTACGTCCTTTTGTGCTTGAATTTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG	2401	CTGCAGGCTAGGTTATGTGTCCTTTTGGGGTTTGTGCCAATGGCTGGGGCTTGCCT	2461	AACTTCTTTTGTGACAGAGCTGTGCTCCCAACAGATTAATGACTGGTGGTGCAGCTGT	2521	AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGTGGCCGGCCGTAAACCGTGTGTCAACGCAATAGCTCTGCTGT	2581	AGTTCCTTGGGCTCTGGGTAGGCGCTTTTAAACCTCTGTGACTTTGGTTAGCCGCTTACG	2641	TTTTGATACCGAGATAATTTGAGGGGCTGACAAATACACCTGTAGTAGCAATTAGTTGTAT	2701	GTCTCGTTTGGCTTTCTTTGCTCACTTGTAACTGTGCTGTGTGCTTTAGTTAACTCTATCT	2761	TTGGCAACGTTGGGAGAAATGGTTTTGGAAAGTTAACTAGAACCGGAGAGGTTTTTCT	2821	TGTCTGGTTTGTATCCCGGTGCGACATATGACGCGCTGTGTGACTTTCTGTGTGTGCA	2881	CGTAGCTCTTCTAATGTTTAAATCATCATCAGTGCAGCATCTGTTCTTTGGGACTGACTTAAGGT	2941	TAGGGCCCAATGAATGTTGTGGGCTCTCCGAAATGTCAATGCTGTGTATTTCTCATTAATGT	3001	TCTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3061	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3120	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3180	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3240	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3300	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3360	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3420	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3480	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3540	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3600	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3660	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3720	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3780	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3840	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3900	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	3960	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4020	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4080	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4140	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4200	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4260	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4320	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4380	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4440	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4500	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4560	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4620	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4680	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4740	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4800	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4860	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4920	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	4980	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5040	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5100	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5160	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5220	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5280	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5340	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5400	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5460	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5520	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5580	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5640	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5700	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5760	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5820	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5880	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	5940	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6000	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6060	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6120	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6180	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6240	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6300	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6360	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6420	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6480	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6540	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6600	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6660	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6720	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6780	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6840	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6900	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	6960	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7020	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7080	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7140	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7200	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7260	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7320	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7380	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7440	TGTTAAGTTTTCCTCTTAGTGTGTGGTGAATAGTGTGTGTCTTAATAGCACTTGCA	7500
----	------	--	------	--	------	--	------	--	------	---	------	---	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	---	------	---	------	--	------	--	------	---	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------	--	------

Db 3061 TGGTATGTCCTTGCCTAATGATTTTTCCTGAAACTACCATTCGAAGAGCATTTTTCCTC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCGCTTGGCGTGTGGGAGCAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCGCTTGGCGTGTGGGAGCAC 3180
Qy 3181 GGTGATGTTGGCCGCTGTGTGGCGGCTCGGCGCACTTGTTTTCGACAGGCTTGGCTAT 3240
Db 3181 GGTGATGTTGGCCGCTGTGTGGCGGCTCGGCGCACTTGTTTTCGACAGGCTTGGCTAT 3240
Qy 3241 GCCGCAGATGGGTGGGCCATTACCGACCTTTTACGCTGACAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
Db 3241 GCCGCAGATGGGTGGGCCATTACCGACCTTTTACGCTGACAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
Qy 3301 CACGCTGTACGATGGGAGTGTCTATGACTGTATAGACCCCCGAACTTTGGACTGGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTACGATGGGAGTGTCTATGACTGTATAGACCCCCGAACTTTGGACTGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGGCCACTAGCTACATGGAGTTTGTGTGACAAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGGCCACTAGCTACATGGAGTTTGTGTGACAAAGTGT 3420
Qy 3421 GTATACTGCTCAACCATGAGAGCAAGGAGCGCGGTTGCTCATCCACAGGCTTATATACA 3480
Db 3421 GTATACTGCTCAACCATGAGAGCAAGGAGCGCGGTTGCTCATCCACAGGCTTATATACA 3480
Qy 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTATATGACAGAGCATCTTATCAACCAACCATGTGGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTATATGACAGAGCATCTTATCAACCAACCATGTGGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACCTGGGTGCTCTGGGAGGAGACAAAGGGGTATCTGGTAAACAAGACTGGGGTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACCTGGGTGCTCTGGGAGGAGACAAAGGGGTATCTGGTAAACAAGACTGGGGTTC 3600
Qy 3601 ATTGATTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGAGGGCCCTTCCAT 3660
Db 3601 ATTGATTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGCGAGGGCCCTTCCAT 3660
Qy 3661 GGTGTTGCCAAGGTTCTTCAAGTGTCCCGATTTCTGTGTCTCTCCGGGAGTGTATTTGG 3720
Db 3661 GGTGTTGCCAAGGTTCTTCAAGTGTCCCGATTTCTGTGTCTCTCCGGGAGTGTATTTGG 3720
Qy 3721 GATGTTCAACCGCTGATAGAAATCTGAGCGGTTCACTGACATGACATTAAGGTTAGCGGTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGATAGAAATCTGAGCGGTTCACTGACATGACATTAAGGTTAGCGGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGTGATACCATTCGCCAGTACACAGACATGCGACTTGTATCAAAAACCTTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGATACCATTCGCCAGTACACAGACATGCGACTTGTATCAAAAACCTTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCAAATTTTAAATTTGCCCTCACTGGCAGGCGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCAAATTTTAAATTTGCCCTCACTGGCAGGCGCAAGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTAACCACTTCTTACATGAGAGAGATTAAGGTTGTGGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCACTTCTTACATGAGAGAGATTAAGGTTGTGGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGTCTAACACGATTCATGCGCAAGTACATGACGCGAGCTTCACTTACGTACGCAATATGGCAT 4020
Db 3961 GGTCTAACACGATTCATGCGCAAGTACATGACGCGAGCTTCACTTACGTACGCAATATGGCAT 4020
Qy 4021 CTATTTTAAATGCGAAATGTACAAACACAGGGGCTTCACTTACGTACGCAATATGGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGCGAAATGTACAAACACAGGGGCTTCACTTACGTACGCAATATGGCAT 4080
Qy 4081 GTATCCGACCGGAGCATGTTCCGGAACCTATGATGTATCATTTTGTGACAAATGGCATTCG 4140
Db 4081 GTATCCGACCGGAGCATGTTCCGGAACCTATGATGTATCATTTTGTGACAAATGGCATTCG 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGTGGCATTTGAAAGGTTCTTAAACGAGACTCATCAAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGTGGCATTTGAAAGGTTCTTAAACGAGACTCATCAAAAA 4200

Qy 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCCACGACTACCCCTCGAGTAAATCCCTACACCAATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTCTTGGCCACGACTACCCCTCGAGTAAATCCCTACACCAATGC 4260
Qy 4261 CAACATACTGAGATTCAATTAAACCGATGAAGGCACTTATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATACTGAGATTCAATTAAACCGATGAAGGCACTTATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAAATCTGAAGAAAAGGAGACACTTATCTTTAGAGCTACCAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAAATCTGAAGAAAAGGAGACACTTATCTTTAGAGCTACCAAAAAACCTG 4380
Qy 4381 TGATAGCTTCTTAAACGATTAGCTCGAAAGGAAATTAACAGTGTCTCTTATATAGGGG 4440
Db 4381 TGATAGCTTCTTAAACGATTAGCTCGAAAGGAAATTAACAGTGTCTCTTATATAGGGG 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTGCACTGATGCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATGTGCACTGATGCTTGTG 4500
Qy 4501 TACAGAGTACACTGTGTGACTTTGATTCGGTGTATGACTGACGCTCATGTGAGAGGAC 4560
Db 4501 TACAGAGTACACTGTGTGACTTTGATTCGGTGTATGACTGACGCTCATGTGAGAGGAC 4560
Qy 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACCATTTGACCATGGGTGTGTGTGTGCGGGGTCTCAGC 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACCATTTGACCATGGGTGTGTGTGTGCGGGGTCTCAGC 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCAAGCGTGAAGGAGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGCGATATATCTACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCAAGCGTGAAGGAGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGCGATATATCTACTA 4680
Qy 4681 TGTAAACGGAGTTTACCCCTTGGGTTATGTTTCTGTGAAATGCAACATTTGAAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAAACGGAGTTTACCCCTTGGGTTATGTTTCTGTGAAATGCAACATTTGAAAGCTT 4740
Qy 4741 CGACGACGCAAGGATGATGTGTGTGTCATCAACAGAAAGTCAAACTTATCTGACAC 4800
Db 4741 CGACGACGCAAGGATGATGTGTGTGTCATCAACAGAAAGTCAAACTTATCTGACAC 4800
Qy 4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACTGCGATTAAGAGCAAAATTTGAGAGTGGGCTGTATCT 4860
Db 4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACTGCGATTAAGAGCAAAATTTGAGAGTGGGCTGTATCT 4860
Qy 4861 CTTTCTATAGTCAACCCCGAACCCTTCAATTGTGCAATACTGCAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATAGTCAACCCCGAACCCTTCAATTGTGCAATACTGCAAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTATGTTTGTGACTGACGCCCAACTACAACTGTGTCACTAGTATGCTATGCTCTC 4980
Db 4921 TTATGTTTGTGACTGACGCCCAACTACAACTGTGTCACTAGTATGCTATGCTCTC 4980
Qy 4981 CAATGACGACCAACGCTGCGAGGAGGACCCGCTTGGGAAAAAACTTTGTGGGTTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGACGACCAACGCTGCGAGGAGGACCCGCTTGGGAAAAAACTTTGTGGGTTCTGTG 5040
Qy 5041 GGGCTTGAACGGGCTGAGAGGCTGTCTGAGGCCAGAGGCCAGGAGGTGACGATACCA 5100
Db 5041 GGGCTTGAACGGGCTGAGAGGCTGTCTGAGGCCAGAGGCCAGGAGGTGACGATACCA 5100
Qy 5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGGACAGCGCACTGCTGTGGCTTGGAGT 5160
Db 5101 AATGTCTTCACTGAAGTCAATATCTTGTGGGACAGCGCACTGCTGTGGCTTGGAGT 5160
Qy 5161 GGTATATGCTTATCTAGCAATTAACCTTGTGGGCGCACTTGTGTGCGGCTGTGCTGTC 5220
Db 5161 GGTATATGCTTATCTAGCAATTAACCTTGTGGGCGCACTTGTGTGCGGCTGTGCTGTC 5220
Qy 5221 TATTTGATAGTCCCTAACCGGTGTACTGTGCGCCCAAGTGTGTTGACGAAAGAAATGCT 5280
Db 5221 TATTTGATAGTCCCTAACCGGTGTACTGTGCGCCCAAGTGTGTTGACGAAAGAAATGCT 5280

QY	5281	GGAGAGAGTGCATCATTTCTCCCTTGAGAGCCATGGTGTGCGAATGCATTAAGCTGAA	5340
Db	5281	GGAGAGAGTGCATCATTTCTCCCTTGAGAGCCATGGTGTGCGAATGCATTAAGCTGAA	5340
QY	5341	GAGTCAATCAACCAACAATAGCTCTTTCACATGTGAAAACCGGCCCTTGAAAAACTTAAC	5400
Db	5341	GAGTCAATTAACCAACAATAGCTCTTTCACATTTGAAAACCGCCCTTGAAAACTTAAC	5400
QY	5401	CTTTCTGGGCTCAATGACGTACAAATCCTTGCTATCATAGATATGCTGTGTTT	5460
Db	5401	CTTTCTGGGCTCAATGACGTACAAATCCTTGCTATCATAGATATGCTGTGTTT	5460
QY	5461	CACTTTACCTGACAAATCCCTTTCATATGCGTGTGCTTTCATTTGCGGATTAATAC	5520
Db	5461	CACTTTACCTGACAAATCCCTTTCATATGCGTGTGCTTTCATTTGCGGATTAATAC	5520
QY	5521	CCCACTACCTCAACAATCAAAATGTCCTGCTATTAATTTGAGAGCGCAATGGGTC	5580
Db	5521	CCCACTACCTCAACAATCAAAATGTCCTGCTATTAATTTGAGAGCGCAATGGGTC	5580
QY	5581	GCTTACAGACGCTAGAGCGCATGCGCTTCAATGATGAGCGGCTGCGGAAACAGCT	5640
Db	5581	GCTTACAGACGCTAGAGCGCATGCGCTTCAATGATGAGCGGCTGCGGAAACAGCT	5640
QY	5641	TGTTACATGACATGCGTGGGTTTGTCTTTGACATGCTAGCGGCTATGCTCCGCTC	5700
Db	5641	TGTTACATGACATGCGTGGGTTTGTCTTTGACATGCTAGCGGCTATGCTCCGCTC	5700
QY	5701	ATCCACTGCTTGCCTGACATTTAAATGCTTATGAGGTAGTGGCCACTATGATACAGCT	5760
Db	5701	ATCCACTGCTTGCCTGACATTTAAATGCTTATGAGGTAGTGGCCACTATGATACAGCT	5760
QY	5761	TGCTGGTTAGTCTACTCCGCGTTCAATCCGCGCGCAGAGATGTGCGCTCTTGTCAGC	5820
Db	5761	TGCTGGTTAGTCTACTCCGCGTTCAATCCGCGCGCAGAGATGTGCGCTCTTGTCAGC	5820
QY	5821	TTGTGCAATGTTTGTCTTGACAAACAGCGGCGCAGATCATCGGCCCAACACTCTTAC	5880
Db	5821	TTGTGCAATGTTTGTCTTGACAAACAGCGGCGCAGATCATCGGCCCAACACTCTTAC	5880
QY	5881	TATGCTTGTGAGAGCAACACTGATATGATATGAGATCTTATTCGACTCGTGACATCCG	5940
Db	5881	TATGCTTGTGAGAGCAACACTGATATGATATGAGATCTTATTCGACTCGTGACATCCG	5940
QY	5941	CAGAAAGTACTGCGCATTTCTGAGAGCATCTAACCCCTGAGTGTCAATAGCTTGAT	6000
Db	5941	CAGAAAGTACTGCGCATTTCTGAGAGCATCTAACCCCTGAGTGTCAATAGCTTGAT	6000
QY	6001	CCGTTGGCTCAACCCCGACGAGAGATATGCGGCTCATGCTGCGGCTTAAGAT	6060
Db	6001	CCGTTGGCTCAACCCCGACGAGAGATATGCGGCTCATGCTGCGGCTTAAGAT	6060
QY	6061	TTGGCAGATGTGAGCAATTTCTTGATTTTGGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGAGTTCA	6120
Db	6061	TTGGCAGATGTGAGCAATTTCTTGATTTTGGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGAGTTCA	6120
QY	6121	GAGCATGTTAAATCTCGTGTGTTCTCTTTTACAGTGCAGAAAGGGGTACAAAGGCC	6180
Db	6121	GAGCATGTTAAATCTCGTGTGTTCTCTTTTCTAAGCTGCCAAGAAAGGGGTACAAAGGCC	6180
QY	6181	CTGATTTGATCAGGTATGCTTCAAGCACGCTGTTCATGCGGTGCTAACTCATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGATTTGATCAGGTATGCTTCAAGCACGCTGTTCATGCGGTGCTAACTCATCTTTTC	6240
QY	6241	TGTTGAGATGTGTTTGGAAAACCTTTCAAAGAACCAAGAACTTGTTCAATTAATGAG	6300
Db	6241	TGTTGAGATGTGTTTGGAAAACCTTTCAAAGAACCAAGAACTTGTTCAATTAATGAG	6300
QY	6301	AGGGGCTGTTCAATCAACGCTAGAGCTGTGCGTGTGAGACCGGACCAACTGATTTG	6360
Db	6301	AGGGGCTGTTCAATCAACGCTAGAGCTGTGCGTGTGAGACCGGACCAACTGATTTG	6360
QY	6361	GACTAGTCTTGTGCTCAATTAATGCGCTTAGGACTACTGTAAATATGAAAAATGGAGA	6420

Dp	6361	GACTAGCTTGTGCAATTATGCGTTAGGAGCACTACTGTAAATATGAAATTTGGGAGA	64200
Qy	6421	TCACATTTTGTATCAGAGATATCCTCCAAATAGTCTGTTTCAACCGAGGCCCCCAAC	64800
Dp	6421	TCACATTTTGTATCAGAGATATCCTCCAAATAGTCTGTTTCAACCGAGGCCCCCAAC	64800
Qy	6481	CTTGAGAGCTCAGTGGCCGTGAGACGGCGTACAGGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCCA	65400
Dp	6481	CTTGAGAGCTCAGTGGCCGTGAGACGGCGTACAGGTTCACTGTTATCTAGGTGAGCCCA	65400
Qy	6541	AACCTCTTGGACGACATTCGCTCTGTTACGGTCCGGACGGTAAAGGCTTAAACCTGTAA	66000
Dp	6541	AACCTCTTGGACGACATTCGCTCTGTTACGGTCCGGACGGTAAAGGCTTAAACCTGTAA	66000
Qy	6601	GCTTCCCTCCGCGGTGACGGTCAACACCTGGTGTGGGATGGAACCTTAATTTGGCGGA	66600
Dp	6601	GCTTCCCTCCGCGGTGACGGTCAACACCTGGTGTGGGATGGAACCTTAATTTGGCGGA	66600
Qy	6661	TGCACCTTGAGCAAAATGATCTGTAAATTCACAAACAACTCTCTAGTATGTAAGCCGCACT	67200
Dp	6661	TGCACCTTGAGCAAAATGATCTGTAAATTCACAAACAACTCTCTAGTATGTAAGCCGCACT	67200
Qy	6721	GTCGCGCTTGTGTTTCAAAACAGAGTGGCGCGTACAAACCAATTTGCTTGAAGCAATTC	67800
Dp	6721	GTCGCGCTTGTGTTTCAAAACAGAGTGGCGCGTACAAACCAATTTGCTTGAAGCAATTC	67800
Qy	6781	AGCTGGGCGTTGACACACCAACCTGCCAGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTAAAGAA	68400
Dp	6781	AGCTGGGCGTTGACACACCAACCTGCCAGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTAAAGAA	68400
Qy	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACCTGGTGGCTTACCTTCCCTCCGAGATCCGCTCC	69000
Dp	6841	GCGCCAGTTCCGGGCAAGAACCTGGTGGCTTACCTTCCCTCCGAGATCCGCTCC	69000
Qy	6901	AGGAGTGCATGTCCTGAAAGCTCGCAACGAACTGTAAGGATCTTCAAACT	69600
Dp	6901	AGGAGTGCATGTCCTGAAAGCTCGCAACGAACTGTAAGGATCTTCAAACT	69600
Qy	6961	CCCTCCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGGCAATGCCGATGCCGTTTGGGAGGGGGTGA	70200
Dp	6961	CCCTCCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGGCAATGCCGATGCCGTTTGGGAGGGGGTGA	70200
Qy	7021	GTTGTAACCTTTCACCTGCAATTGGATGTGCAATGCCAAACAGCGGAGGCTCTGTATGA	70800
Dp	7021	GTTGTAACCTTTCACCTGCAATTGGATGTGCAATGCCAAACAGCGGAGGCTCTGTATGA	70800
Qy	7081	TTTACCCAGTTACCTCTCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGCTCAGACGAAAGTTGCTGAC	71400
Dp	7081	TTTACCCAGTTACCTCTCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGCTCAGACGAAAGTTGCTGAC	71400
Qy	7141	GGCTACAAACGGTTCCAGCTACGTTTACCTGGCCCCCGCTACCTTAAGTATGAGGGGAAAGGA	72000
Dp	7141	GGCTACAAACGGTTCCAGCTACGTTTACCTGGCCCCCGCTACCTTAAGTATGAGGGGAAAGGA	72000
Qy	7201	TTTCACTCAGTCAAGCCCCCGCAACAGGCTCTACAAAAAAGTTGGGAAAGATGAGTT	72600
Dp	7201	TTTCACTCAGTCAAGCCCCCGCAACAGGCTCTACAAAAAAGTTGGGAAAGATGAGTT	72600
Qy	7261	TTTGGTGAAGATGAGCTTACCTTGAACCTGGAACGATGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAAGT	73200
Dp	7261	TTTGGTGAAGATGAGCTTACCTTGAACCTGGAACGATGATTAAGCTTCAAACTGCTTAAAGT	73200
Qy	7321	TTTGTCTGCAACCTGGGCGCACTACTAGTGTTCCTTCAAAACAAAGATCAATTTGGTATGT	73800
Dp	7321	TTTGTCTGCAACCTGGGCGCACTACTAGTGTTCCTTCAAAACAAAGATCAATTTGGTATGT	73800
Qy	7381	GACTGAGCCCGGGGATCCGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGACAACTCT	74400
Dp	7381	GACTGAGCCCGGGGATCCGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGACAACTCT	74400
Qy	7441	GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATTTGGCTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	75000
Dp	7441	GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATTTGGCTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	75000

Db	7441	GTTCOCOCACATACACACAAAGGAGATGTGGCTAAGGAAAAAGCTTCMAAAGTTGT	7500
Oy	7501	CGGTGTCAATGTGGGACTATGATGAATGACGCTCACACGCCCTCTTAAGTCTGTAAAGTC	7560
Db	7501	CGGTGTCAATGTGGGACTATGATGAATGACGCTCACACGCCCTCTTAAGTCTGTAAAGTC	7560
Oy	7561	CCACATCACTGGCCCTTGCGGGGCACTGATGTGGTTGGTTCGGAGCAGCCCGCAAGGCGTGTCT	7620
Oy	7561	CCACATCACTGGCCCTTGCGGGGCACTGATGTGGTTGGTTCGGAGCAGCCCGCAAGGCGTGTCT	7620
Db	7621	GGACTTTCGAGAAAGTGTGTGCGAGGACAGGTGATACCCAGTCAATTAATCGGCAAACTGTGAT	7680
Oy	7621	GGACTTTCGAGAAAGTGTGTGCGAGGACAGGTGATACCCAGTCAATTAATCGGCAAACTGTGAT	7680
Oy	7681	AGTTCCAAAGGAGAGGTCTTTGCTGAGAACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
Db	7681	AGTTCCAAAGGAGAGGTCTTTGCTGAGAACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
Oy	7741	GCTTATCTTCGTAACCCCACTTTGAAATGATATGTGAGAAAGATGTAATTAACGCTACGAT	7800
Db	7741	GCTTATCTTCGTAACCCCACTTTGAAATGATATGTGAGAAAGATGTAATTAACGCTACGAT	7800
Oy	7801	TGCTCCTGACGTAAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGCGTAACGGATTTGTGATATCCAGTAC	7860
Db	7801	TGCTCCTGACGTAAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGCGTAACGGATTTGTGATATCCAGTAC	7860
Oy	7861	CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGATGTGATCCAGATCCGATGCACTGCGAGCCACATGCGATAC	7920
Db	7861	CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGATGTGATCCAGATCCGATGCACTGCGAGCCACATGCGATAC	7920
Oy	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACATCAATCACACCCGAGATATCATGTGTGAGAACAGATCTATATC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACATCAATCACACCCGAGATATCATGTGTGAGAACAGATCTATATC	7980
Oy	7981	AGCAGCTAAACCTCACTGATGACCAACCCGAGCTGATGACTTACACATATGGGAGGCACTTATA	8040
Db	7981	AGCAGCTAAACCTCACTGATGACCAACCCGAGCTGATGACTTACACATATGGGAGGCACTTATA	8040
Oy	8041	CGCTGTGAGGAGCCGATGATCGCTTATGATGTGGCCGAGAGATTCGATATCGTAGGTGAGTGC	8100
Db	8041	CGCTGTGAGGAGCCGATGATCGCTTATGATGTGGCCGAGAGATTCGATATCGTAGGTGAGTGC	8100
Oy	8101	TTCCGGCGCTCTATACTCTCAAGTTCCACAGTTTGACCTGTGTGGCTGAAAGCTTAATGC	8160
Db	8101	TTCCGGCGCTCTATACTCTCAAGTTCCACAGTTTGACCTGTGTGGCTGAAAGCTTAATGC	8160
Oy	8161	TGCAGCCGAAACAGGCTGGCATGAAGAACCCCTGCTTCTTAATTCGGCGATGATTTGCAC	8220
Db	8161	TGCAGCCGAAACAGGCTGGCATGAAGAACCCCTGCTTCTTAATTCGGCGATGATTTGCAC	8220
Oy	8221	CGTAATTTGGAGAGACCGCCGAGACAGATGACAGAACAAACAGCAATGCGTGTCTTGTCTAG	8280
Db	8221	CGTAATTTGGAGAGACCGCCGAGACAGATGACAGAACAAACAGCAATGCGTGTCTTGTCTAG	8280
Oy	8281	CTGGATGAAGGTGATGGGTGCACCAACAGATTTGTGCTCAACCCAAATTAACAGTTTGA	8340
Db	8281	CTGGATGAAGGTGATGGGTGCACCAACAGATTTGTGCTCAACCCAAATTAACAGTTTGA	8340
Oy	8341	AAGATTAACATATGCTCATCAAAATGTTACCTCTGGAAATTAACAAAGTGGCAAGCTTAA	8400
Db	8341	AAGATTAACATATGCTCATCAAAATGTTACCTCTGGAAATTAACAAAGTGGCAAGCTTAA	8400
Oy	8401	CTACTTTCTTAACAAGAGATCTCTGATCCCTCTGGCAGGTGCTGTGCCAGAGGTCTGGG	8460
Db	8401	CTACTTTCTTAACAAGAGATCTCTGATCCCTCTGGCAGGTGCTGTGCCAGAGGTCTGGG	8460
Oy	8461	ATACAAACCCCAAGTCTGCTGTGATTTGGGTATCTTAATACATCACTAACCTTGTGTGGGT	8520
Db	8461	ATACAAACCCCAAGTCTGCTGTGATTTGGGTATCTTAATACATCACTAACCTTGTGTGGGT	8520
Oy	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCAATTTCAATGAGAGAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCGGA	8580
Db	8521	TAGCCGTGTGTGGCTGTCAATTTCAATGAGAGAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCGGA	8580

QY	8581	GAGGGAACCTTTGACGTGATGAGGAAAAATTTATACGTCTCCGTGAGAAATCTGCCAG	8640
Db	8581	GACGTACCTTTGACTGTGATGGAAAAATTTATACGTCTCTGTAGAAATCTGCCAG	8640
QY	8641	CATCATTTGCTGTGTGCACGGTATTGAGGCTTCTCGGTGTGTGTACCAACGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTGCTGTGTGTGCACGGTATTGAGGCTTCTCGGTGTGTGTACCAACGCTGA	8700
QY	8701	GATCTCTAGAGTTTCCCAATCACTAAGACATGACCATGCCCCCTGTGGAGCTTGGCG	8760
Db	8701	GATCTCTAGAGTTTCCCAATCACTAAGACATGACCATGCCCCCTGTGGAGCTTGGCG	8760
QY	8761	AAAGAAGCCAGGGCGGGTCCCTCGCAGCGCCAGAGGCGTGGCGAGACACAGCAAAATT	8820
Db	8761	AAAGAAGCCAGGGCGGGTCCCTCGCAGCGCCAGAGGCGTGGCGAGACACAGCAAAATT	8820
QY	8821	GGCTCGCTTCCTCTCTGGGATGCTACATCTAGACCTCTACCAGATTTGGATTAAGACGAG	8880
Db	8821	GGCTCGCTTCCTCTCTGGGATGCTACATCTAGACCTCTACCAGATTTGGATTAAGACGAG	8880
QY	8881	CGTGGCTTCGGTACACCACTTTCAATTATGTGATGTTTACTCCCGGAGAGGGGAGTGTGT	8940
Db	8881	CGTGGCTTCGGTACACCACTTTCAATTATGTGATGTTTACTCCCGGAGAGGGGAGTGTGT	8940
QY	8941	TATTACACCAAGAGAGATGTGAGAAGTTCTGTGAAGATTTGGCTGTCAATGTGTTT	9000
Db	8941	TGTTAACACACAGAGAAATGTGAGAAGTTCTGTGTGAAGATTTGGCTGTCAATGTGTTT	9000
QY	9001	TGCCCTAGGGCTCATTTGCTGTGTGATTAGCCATCAGCTGAACCCCAATTCAAAAATTAA	9060
Db	9001	TGCCCTAGGGCTCATTTGCTGTGTGATTAGCCATCAGCTGAACCCCAATTCAAAAATTAA	9060
QY	9061	CTAAACAG---TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGACGGGCAACAGGGGAGACCCC	9116
Db	9061	TTAAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGACGGGCAACAGGGGAGACCCC	9120
QY	9117	GGGCTTAACGACCCCGC 9133	
Db	9121	GGGCTTAACGACCCCGC 9137	

```

1      RESULT 3
2      US-08-469-260A-393
3      , Sequence 393, Application US/08469260A
4      , Patent No. 6451578
5      ,
6      GENERAL INFORMATION:
7      , APPLICANT: JOHN N. SIMONS
8      , APPLICANT: TAMI J. PILOT-MATTIAS
9      , APPLICANT: GEORGE J. DANSON
10     , APPLICANT: GEORGE G. SCHLAUDER
11     , APPLICANT: SURESH M. DESAI
12     , APPLICANT: THOMAS P. LEARY
13     , APPLICANT: ANTHONY SCOTT KIERHOFF
14     , APPLICANT: JAMES C. BRKER
15     , APPLICANT: SHERI L. BUIJK
16     , APPLICANT: ISA K. MUSHAMMAR
17     ,
18     TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
19     ,
20     TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
21     ,
22     NUMBER OF SEQUENCES: 716
23     ,
24     CORRESPONDENCE ADDRESS:
25     ,
26     ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
27     ,
28     STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
29     ,
30     CITY: ABBOTT PARK
31     ,
32     STATE: IL
33     ,
34     COUNTRY: USA
35     ,
36     ZIP: 60064-3500
37     ,
38     COMPUTER READABLE FORM:
39     ,
40     MEDIUM TYPE: IBM PC compatible
41     ,
42     COMPUTER: IBM PC compatible
43     ,
44     OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
45     ,
46     SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
47     ,
48     CURRENT APPLICATION DATA:
49     ,

```

APPLICATION NUMBER: US/08/469,260A
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: FOREMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY: 5'UTR
LOCATION: 1..445
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 446..9037
FEATURE:
NAME/KEY: 3'UTR
LOCATION: 9038..9143
US-08-469-260A-393

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

QY 1 ACCCAAACTCCAGTTTGTACATCCCTAGGAATGCTCTGAGCAACCCCTAG 60
Db 1 ACCCAAACTCCAGTTTGTACATCCCTAGGAATGCTCTGAGCAACCCCTAG 60
QY 61 CAGGCGTGGGGATTTCCCTGCGCTGCAGAAAGGAGGAGCAACCACTTAT 120
Db 61 CAGGCGTGGGGATTTCCCTGCGCTGCAGAAAGGAGGAGCAACCACTTAT 120
QY 121 GTAGCGCGGGAGCTCATGAGCTGCGTGTATGACAAAGCGCAAGTTGATGGC 180
Db 121 GTAGCGCGGGAGCTCATGAGCTGCGTGTATGACAAAGCGCAAGTTGATGGC 180
QY 181 CTGATGGGCGTTATGCGTGTGCGCTTTAGGCGCTTCAAGCCCA 240
Db 181 CTGATGGGCGTTATGCGTGTGCGCTTTAGGCGCTTCAAGCCCA 240
QY 241 CCTCCAGATGAGCGGGGCACTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGTACCTACCAAGAGC 300
Db 241 CCTCCAGATGAGCGGGGCACTGTAGGGAAGACCGGGGACCGGTACCTACCAAGAGC 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGAATATCAGCGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGT 360
QY 361 TGGGATGTTGGGTTAGCCATCATACCGTATGCTGTATAGGGTCTTTGCAAGGGAT 420
Db 361 TGGGATGTTGGGTTAGCCATCATACCGTATGCTGTATAGGGTCTTTGCAAGGGAT 420
QY 421 CTGGGATCTCGTAGACGCTAGCATGCGCTTATTTCTAACCAAGTCTGTACC 480
Db 421 CTGGGATCTCGTAGACGCTAGCATGCGCTTATTTCTAACCAAGTCTGTACC 480
QY 481 TGGCCCAAGAACCGCAAGAACAGCAGAGCTTCAATCTGTGTCAATTAAC 540
Db 481 TGGCCCAAGAACCGCAAGAACAGCAGAGCTTCAATCTGTGTCAATTAAC 540
QY 541 ATCTGTGAAAGGGGACACAGAGCAAGCCAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
Db 541 ATCTGTGAAAGGGGACACAGAGCAAGCCAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600

Db 541 ATCTGTGAAAGGGGACACAGAGCAAGCCAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
QY 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATGGCTTGCAGAGCTGCTTGGCCAGC 660
Db 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATGGCTTGCAGAGCTGCTGCTTGGCCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGGCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTCTGA 720
Db 661 TCATGTTGGGAGGCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTGAATCTTCTGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGATGATGTTGATGTTTCACTTCAACACTTCTAGTAGGCGCTGT 780
Db 721 TTACCTTTGGGATGATGTTGATGTTTCAACACTTCTAGTAGGCGCTGT 780
QY 781 GGCAGAGCGGTGTGACCAAGCTGCAATGTAAGCTGTGAGAGATGAGTAA 840
Db 781 GGCAGAGCGGTGTGACCAAGCTGCAATGTAAGCTGTGAGAGATGAGTAA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTTGTTGCTGCTCACTTTTGTGATGCTGATCTTTGGCCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGTTGTTGCTGCTCACTTTTGTGATGCTGATCTTTGGCCTG 900
QY 901 TCCCTGATGAGGCGCGGGTCACTGACCAAGCAAAATCTGACCAATTTG 960
Db 901 TCCCTGATGAGGCGCGGGTCACTGACCAAGCAAAATCTGACCAATTTG 960
QY 961 CTGCAAGCTTATCAGGTTTATGTTCTCTTCCATGCTGACAGGCGCTGTTG 1020
Db 961 CTGCAAGCTTATCAGGTTTATGTTCTCTTCCATGCTGACAGGCGCTGTTG 1020
QY 1021 TGTATCTGCGGACAGAGCTGCGGTTCCCGCAATCCGATCATCAACCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTATCTGCGGACAGAGCTGCGGTTCCCGCAATCCGATCATCAACCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGACCTGACAGGACTCTTCTTGGCTGACCAATGATTTGTATGSGCGCTTGT 1140
Db 1081 TTGACCTGACAGGACTCTTCTTGGCTGACCAATGATTTGTATGSGCGCTTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGAGCGCCCTTGAATGTTGATGTTGCGGTATTAAGTCGGTACTG 1200
Db 1141 GACCTGTGAGCGCCCTTGAATGTTGATGTTGCGGTATTAAGTCGGTACTG 1200
QY 1201 GCTTGTACGACACTGCTTATTTACATAGACCTTCAATGAATCTTGTACTTGA 1260
Db 1201 GCTTGTACGACACTGCTTATTTACATAGACCTTCAATGAATCTTGTACTTGA 1260
QY 1261 AGTCCCACTGGAATATGATCTGAGGTTCTTAAAGGTTATGCGGCGCAAGGT 1320
Db 1261 AGTCCCACTGGAATATGATCTGAGGTTCTTAAAGGTTATGCGGCGCAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGATCTTCTTGAACCAACTGCTTCAAGTACATAGGCTATTTGGAAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGATCTTCTTGAACCAACTGCTTCAAGTACATAGGCTATTTGGAAT 1380
QY 1381 GTTTAGAGTATACACTACTGCGGTGCGCTGATCTTATCTGCTCGGGCA 1440
Db 1381 GTTTAGAGTATACACTACTGCGGTGCGCTGATCTTATCTGCTCGGGCA 1440
QY 1441 GTGATACAGTCTCTTACGCTTATGCTTATCATGAAAGCACTTGGAAACCTAT 1500
Db 1441 GTGATACAGTCTCTTACGCTTATGCTTATCATGAAAGCACTTGGAAACCTAT 1500
QY 1501 CAGGAGGCCACATGAGTGCATATAGCTGTTTGTGCGCTTGAATGATCCATTC 1560
Db 1501 CAGGAGGCCACATGAGTGCATATAGCTGTTTGTGCGCTTGAATGATCCATTC 1560
QY 1561 TTGCACTCTTATTTAGTAGAGATGTGCAAGTCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGA 1620
Db 1561 TTGCACTCTTATTTAGTAGAGATGTGCAAGTCAATTTGTTACAGTCCAAAGTGA 1620
QY 1621 CAGGCTTATCATCTTGAAGTATCAACTCTCATATCTTGTATCCCTATATCCCTG 1680
Db 1621 CAGGCTTATCATCTTGAAGTATCAACTCTCATATCTTGTATCCCTATATCCCTG 1680

```
OY 1681 TGCAGAGGAGATGATGGTTAAATTCAAAATATACATAGGGGTGCTGCCGTATTGCCAA 1740
DB 1681 TGCAGAGGAGATGATGGTTAAATTCAAAATATACATAGGGGTGCTGCCGTATTGCCAA 1740
OY 1741 TGTGCCATTCGTACGTACCTATGAGGACCTGATGCAAGTGTGGAAGACACTGCCACACTTA 1800
DB 1741 TGTGCCATTCGTACGTACCTATGAGGACCTGATGCAAGTGTGGAAGACACTGCCACACTTA 1800
OY 1801 CGAAGTATGCGGTGTAACACCATGAGCTTAACAACCGCATGAGCAACAGGCTGAGCCCTGAA 1860
DB 1801 CGAAGCATGCGGTGTAACACCATGAGCTTAACAACCGCATGAGCAACAGGCTGAGCCCTGAA 1860
OY 1861 ATTGGCTATATTACATACCTGCGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATTAATTGGATGTC 1920
DB 1861 ATTGGCTATATTACATACCTGCGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATTAATTGGATGTC 1920
OY 1921 AGGCCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGTGAA 1980
DB 1921 AGGCCATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGTGAA 1980
OY 1981 TTCCACTCTCCATCACCGGAGAGAGGTGAGCTAGTTGCCGCGTACCCCACTGTGTAGCG 2040
DB 1981 TTCCACTCTCCATCACCGGAGAGAGGTGAGCTAGTTGCCGCGGTACCCCACTGTGTAGCG 2040
OY 2041 TGGTTCCTTGTTACAGGTTCCGCAAGGGTCTTAAAGATGTGAAGACCTAGCCACAGG 2100
DB 2041 TGGTTCCTTGTTACAGGTTCCGCAAGGGTCTTAAAGATGTGAAGACCTAGCCACAGG 2100
OY 2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGGAATAATCAGAGCTTATATTCCGACAGGGGTGC 2160
DB 2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGGAATAATCAGAGCTTATATTCCGACAGGGGTGC 2160
OY 2161 TTGAGCTCTTACGAGGAGTTACCAACAGGCGTGTGTAAATTCGTTGGGGTGTGTGG 2220
DB 2161 TTGAGCTCTTACGAGGAGTTACCAACAGGCGTGTGTAAATTCGTTGGGGTGTGTGG 2220
OY 2221 CAGCAAGATATCTTAATTTAAGCTACCTCTGTATCTTGTCCCTTTGTTGGGCGGCTTC 2280
DB 2221 CAGCAAGATATCTTAATTTAAGCTACCTCTGTATCTTGTCCCTTTGTTGGGCGGCTTC 2280
OY 2281 TGGTTACCTTTGGCTGCTGTGTCTCCCATCCGAGTCGTATCCCAAGCTGGGTGGAGATGT 2340
DB 2281 TGGTTACCTTTGGCTGCTGTGTCTCCCATCCGAGTCGTATCCCAAGCTGGGTGGAGATGT 2340
OY 2341 TTTGTGTAAGGTCAGAGTAGCTCTTTGCTTGTGATTTCTTCATCTGTGTGCTATCTCG 2400
DB 2341 TTTGTGTAAGGTCAGAGTAGCTCTTTGCTTGTGATTTCTTCATCTGTGTGCTATCTCG 2400
OY 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCCCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCCATGCTGCGGGCTTGCCTT 2460
DB 2401 CTGCAAGCTACGTTATGCTGCCCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCCATGCTGCGGGCTTGCCTT 2460
OY 2461 AACTTTCTTTGTTGACGACGCTGCTCCCAACCAAGATTAAGACTGTGTGGGTGCACTGCT 2520
DB 2461 AACTTTCTTTGTTGACGACGCTGCTCCCAACCAAGATTAAGACTGTGTGGGTGCACTGCT 2520
OY 2521 AGTGGAGAGGTTAGTTTGTGGGCGGAGCTGACCCGTGACCGTGTACCGCATAGCTTGTGTGT 2580
DB 2521 AGTGGAGAGGTTAGTTTGTGGGCGGAGCTGACCCGTGACCGTGTACCGCATAGCTTGTGTGT 2580
OY 2581 AGGTCCCTTGAGCTCTGTGTAGCGGCTTTTAAACCTCTTGACATTTGGTTAAGCTCTTCAAG 2640
DB 2581 AGGTCCCTTGAGCTCTGTGTAGCGGCTTTTAAACCTCTTGACATTTGGTTAAGCTCTTCAAG 2640
OY 2641 TTTTGTATCCGAATTAATTGAGAGGCTGACAAATACACCTGTAGTAGCATTAAGTGTCAAT 2700
DB 2641 TTTTGTATCCGAATTAATTGAGAGGCTGACAAATACACCTGTAGTAGCATTAAGTGTCAAT 2700
OY 2701 GTGTGCTTTGGGCTCTTTGTCTCACTGTATACCTGCTGTGTGTAGTTAAGCTCTATCT 2760
DB 2701 GTGTGCTTTGGGCTCTTTGTCTCACTGTATACCTGCTGTGTGTAGTTAAGCTCTATCT 2760

OY 2761 TTGGCAACGTTGGGAGAAATGTTTGGAAAGTTTACCTAAGACCGGAGAGCTTTTCTT 2820
DB 2761 TTGGCAACGTTGGGAGAAATGTTTGGAAAGTTTACCTAAGACCGGAGAGCTTTTCTT 2820
OY 2821 TGTGCTGTTGTTTCCCGGTGACATATGACGCGCTGTGTACTTTCTGTGTGTGTCA 2880
DB 2821 TGTGCTGTTGTTTCCCGGTGACATATGACGCGCTGTGTACTTTCTGTGTGTGTCA 2880
OY 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAAATCATCCAGTGCAGATCGTTCTTTGGGACGTACCTTAGGGT 2940
DB 2881 CGTAGCTCTTATGTTTAAATCATCCAGTGCAGATCGTTCTTTGGGACGTACCTTAGGGT 2940
OY 2941 TAGGGCCCATAGATAGTGTGGTGTGCGTCTCGAAGATGTATGCTGTGTATTTCTATATGT 3000
DB 2941 TAGGGCCCATAGATAGTGTGGTGTGCGTCTCGAAGATGTATGCTGTGTATTTCTATATGT 3000
OY 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTAAGTGTGTGTGTGTGAAATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
DB 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTAAGTGTGTGTGTGTGTGAAATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3060
OY 3061 TGTGATGTCTTGCTTAATGATTTTGTGCTGAAACTACATTTGCAAGAGCCATTTTCC 3120
DB 3061 TGTGATGTCTTGCTTAATGATTTTGTGCTGAAACTACATTTGCAAGAGCCATTTTCC 3120
OY 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCTTGTGCGTGTGGGACAC 3180
DB 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGAAATGAAGAAAGCTTGTGCGTGTGGGACAC 3180
OY 3181 GGTGTATGTTTGTCCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3240
DB 3181 GGTGTATGTTTGTCCCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3240
OY 3241 GCCGCCAGATGGGTGGGCACTTACCGGCACTTTTAAAGCTGACGTCTCTGTGAACGTGG 3300
DB 3241 GCCGCCAGATGGGTGGGCACTTACCGGCACTTTTAAAGCTGACGTCTCTGTGAACGTGG 3300
OY 3301 CACGCTGTACGAGATGAGCAAGTGTATGATCTGTATAGAACCCCGCACTTGGACTGAAAC 3360
DB 3301 CACGCTGTACGAGATGAGCAAGTGTATGATCTGTATAGAACCCCGCACTTGGACTGAAAC 3360
OY 3361 TATCTTCAAGATTAAGATCTTGGCCATCTAGCTACATGTGGATTTGTTGTGACAAAGTGT 3420
DB 3361 TATCTTCAAGATTAAGATCTTGGCCATCTAGCTACATGTGGATTTGTTGTGACAAAGTGT 3420
OY 3421 GATATCTGTCTACCAATGACAGAGAGGCGCGGTTGTGCTCAATCCACAGGCTCATACAA 3480
DB 3421 GATATCTGTCTACCAATGACAGAGAGGCGCGGTTGTGCTCAATCCACAGGCTCATACAA 3480
OY 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTTAATGATGACCAAGACATCTATCAACCAATGTGAGCTGG 3540
DB 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTTAATGATGATGACCAAGACATCTATCAACCAATGTGAGCTGG 3540
OY 3541 GTTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGCGGGAAGACAAAGGGATATCTGTGTAACAGACTGGAGTTC 3600
DB 3541 GTTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGCGGGAAGACAAAGGGATATCTGTGTAACAGACTGGAGTTC 3600
OY 3601 ATTGGTTAGGTGTCACAAATCCGATGACCCCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
DB 3601 ATTGGTTAGGTGTCACAAATCCGATGACCCCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
OY 3661 GGTGTGTGCAAGGGTCTTCAAGTGTGCCCCGATATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3720
DB 3661 GGTGTGTGCAAGGGTCTTCAAGTGTGCCCCGATATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3720
OY 3721 GATGTTCACCGCTGTAGAAATTTGTGGGCTTCACTGATCACTGATTAAGGTTAGGCGGTT 3780
DB 3721 GATGTTCACCGCTGTAGAAATTTGTGGGCTTCACTGATCACTGATTAAGGTTAGGCGGTT 3780
OY 3781 GGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3840
DB 3781 GGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3840
OY 3841 TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGTGCAATTTTAAATTTGCCCCCACTGGACAGCGGCAATGTAC 3900
```

Db	3841	TGTGCTTACGAGTATTGAGTCAAATTTAATTTAGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC	3900
Qy	3901	CAAAATTACCACTTTCTTAACATGCAAGAGAAATGAGGTCTTGGTCTTAAATCCAGTGT	3960
Db	3901	CAAAATTACCACTTTCTTACATGACAGAGAAAGTATGAGGTCTTGGTCTTAAATCCAGTGT	3960
Qy	3961	GGCTTACCAACAGCATTCATATGCCAAAGTACATGCAAGCGACGTATGGCGGTGAATCCAAATTG	4020
Db	3961	GGCTTACCAACAGCATTCATATGCCAAAGTACATGCAAGCGACGTATGGCGGTGAATCCAAATTG	4020
Qy	4021	CTATTTTATATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTAACAGCATATATGGCAT	4080
Db	4021	CTATTTTATATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTAACAGCATATATGGCAT	4080
Qy	4081	GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGAAMCTATGATGTATCATTTTGTGACGAATGCCATGC	4140
Db	4081	GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGAAMCTATGATGTATCATTTTGTGACGAATGCCATGC	4140
Qy	4141	TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATTGGAAAGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAAA	4200
Db	4141	TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATTGGAAAGTCTTAACCGAAGTCCATCCAAAA	4200
Qy	4201	TGTTAAGGCTAGTGGTCTTGGCACGCGCATCCCGCCCTGGAGTAATPCCCTACACACATGC	4260
Db	4201	TGTTAAGGCTAGTGGTCTTGGCACGCGCATCCCGCCCTGGAGTAATPCCCTACACACATGC	4260
Qy	4261	CAACATTACTGAGATTCAATTAAACCGATGAAGGACATATCCCTCTTACATGAAAAAAGAT	4320
Db	4261	CAACATTACTGAGATTCAATTAAACCGATGAAGGACATATCCCTCTTACATGAAAAAAGAT	4320
Qy	4321	TAAAGAGAAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTACCAAAAAACATG	4380
Db	4321	TAAAGAGAAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTACCAAAAAACATG	4380
Qy	4381	TGATGAGCTTGTCTTAAACGATTAAGCTCGAAAGGAAATTAACACTGTCTTATCTTATAGGGG	4440
Db	4381	TGATGAGCTTGTCTTAAACGATTAAGCTCGAAAGGAAATTAACACTGTCTTATCTTATAGGGG	4440
Qy	4441	ATGTGACACTCTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACCTGTGTAGTATTTGCCACTGATGCTTGTG	4500
Db	4441	ATGTGACACTCTCAAAAAATCCCTGAGGGCGACCTGTGTAGTATTTGCCACTGATGCTTGTG	4500
Qy	4501	TACAGGGTACACTGCTGTGAACCTTTCCTGTATGATCTGCAGCCTCATGTATGAAGGAC	4560
Db	4501	TACAGGGTACACTGCTGTGAACCTTTCCTGTATGATCTGCAGCCTCATGTATGAAGGAC	4560
Qy	4561	ATGCCATGTTAACCTTGAACCTTACCTTTCACATGGGTGTGTGTGTGCGGGGCTCTCAGC	4620
Db	4561	ATGCCATGTTAACCTTGAACCTTACCTTTCACATGGGTGTGTGTGTGCGGGGCTCTCAGC	4620
Qy	4621	AATAGTTTAAAGGCGCGGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGGCATATATCTACTA	4680
Db	4621	AATAGTTTAAAGGCGCGGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGCTGGCATATATCTACTA	4680
Qy	4681	TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTGGGTATGTTCTCTGAATGCAACATTTGTGAAGCCTT	4740
Db	4681	TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTGGGTATGTTCTCTGAATGCAACATTTGTGAAGCCTT	4740
Qy	4741	CGAGCGACCCAAAGGATGTATGGTTGTCAATCAACAGAACTCAAACTATTCGTGCAC	4800
Db	4741	CGAGCGACCCAAAGGATGTATGGTTGTCAATCAACAGAACTCAAACTATTCGTGCAC	4800
Qy	4801	CTATTCGACCCAAACCTGGGTTACCTGGCATATGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT	4860
Db	4801	CTATTCGACCCAAACCTGGGTTACCTGGCATATGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT	4860
Qy	4861	CTTTTCTATATGTATCAACCCCGAACCCTTCAATTGTGCATATCTGCAAAAAGAACTGTGTCA	4920
Db	4861	CTTTTCTATATGTATCAACCCCGAACCCTTCAATTGTGCATATCTGCAAAAAGAACTGTGTCA	4920
Qy	4921	TTATGTTTTTGTGACTGACCCCAATCAACATGTGTCAATGATATGGCTATATGCTGCTCC	4980

Db	4921	TTATGTTTTTTGTGACTGACGCCCACTAAACGTGTCTATCAGTATGGCATGCTGCTCC	4980
Qy	4981	CAATGACGCACCACGGTGGACAGGAGCCCGCGCTTGAGAAAAAACTTTGTGGGTTCTGTG	5040
Db	4981	CAATGACGCACCACGGTGGACAGGAGCCCGCGCTTGAGAAAAAACTTTGTGGGTTCTGTG	5040
Qy	5041	GGGCTTTGACCGGCGGTGAGCGCTGTCTGTGCCAGAGCCAGGAGGTGACGATATCCA	5100
Db	5041	GGGCTTTGACCGGCGGTGAGCGCTGTCTGTGCCAGAGCCAGGAGGTGACGATATCCA	5100
Qy	5101	AATGTGCTTCACTGGAAGTCAATACTCTTGGGACAGCGCACTGCGCTTGGCGCTTGGAGT	5160
Db	5101	AATGTGCTTCACTGGAAGTCAATACTCTTGGGACAGCGCACTGCGCTTGGCGCTTGGAGT	5160
Qy	5161	GGCTATGGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGGCGCTTGTGTC	5220
Db	5161	GGCTATGGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCGCCACTTGTGTGGCGCTTGTGTC	5220
Qy	5221	TATTGCATCAGTCCCTTACCGGAGCTACGTGTGCGCCAGAGGTGTGAGAAAGAAATCGT	5280
Db	5221	TATTGCATCAGTCCCTTACCGGAGCTACGTGTGCGCCAGAGGTGTGAGAAAGAAATCGT	5280
Qy	5281	GGAGAGTGTGCATCATTCATTTCCCTTGGAGGCCATGTTGCTGCATCGATTAAGCTGAA	5340
Db	5281	GGAGAGTGTGCATCATTCATTTCCCTTGGAGGCCATGTTGCTGCATCGATTAAGCTGAA	5340
Qy	5341	GAGTACAAATCACACAACTAGTCCCTTTCACATTGGAAACCGCCCTTGA AAAACTTAAAC	5400
Db	5341	GAGTACAAATCACACAACTAGTCCCTTTCACATTGGAAACCGCCCTTGA AAAACTTAAAC	5400
Qy	5401	CTTTCTTTGGGCTCATTGACAGCTTACAAATCCTTCTATCAATAGAAATATGCTGTGGCTT	5460
Db	5401	CTTTCTTTGGGCTCATTGACAGCTTACAAATCCTTCTATCAATAGAAATATGCTGTGGCTT	5460
Qy	5461	CACCTTACCTGCAATGCCCTTGGACATGACGCTGTGCTTCACTTGGCGGATTACTAC	5520
Db	5461	CACCTTACCTGCAATGCCCTTGGACATGACGCTGTGCTTCACTTGGCGGATTACTAC	5520
Qy	5521	CCCACTACCTCAAGATCAAAATGTCCTGTCTATTTATTTGGAGGCGCAATTCGTC	5580
Db	5521	CCCACTACCTCAAGATCAAAATGTCCTGTCTATTTATTTGGAGGCGCAATTCGTC	5580
Qy	5581	GCTTACAGACGCTAAGAGGCGCACTGGCGTTCAATGATGGCCGGGGCTGCGGAAACAGCTCT	5640
Db	5581	GCTTACAGACGCTAAGAGGCGCACTGGCGTTCAATGATGGCCGGGGCTGCGGAAACAGCTCT	5640
Qy	5641	TGGTACATGGAATGGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAAGGGGCGCTATGCTGCGGCTC	5700
Db	5641	TGGTACATGGAATGGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAAGGGGCGCTATGCTGCGGCTC	5700
Qy	5701	ATCCACGCTTGTGCTTGACATTTTAAATGCTTGAATGGGTGAAGTGGCCCACTATGATCAGCT	5760
Db	5701	ATCCACGCTTGTGCTTGACATTTTAAATGCTTGAATGGGTGAAGTGGCCCACTATGATCAGCT	5760
Qy	5761	TGCTGGTTTATGCTTACTCGCGGTTCAATCCGGCCGACAGAGTTGTGGGCGTCTTGTACG	5820
Db	5761	TGCTGGTTTATGCTTACTCGCGGTTCAATCCGGCCGACAGAGTTGTGGGCGTCTTGTACG	5820
Qy	5821	TTGTGCATGTTTGTGCTTTGACAAACGACAGGGCGAGTCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Db	5821	TTGTGCATGTTTGTGCTTTGACAAACGACAGGGCGAGTCACTGGCCCAACAGACTTCTTAC	5880
Qy	5881	TATGCTTCTAGAGCAACACTGTATGTATGATGACTTATTTGCGCACTGTGACATCCG	5940
Db	5881	TATGCTTCTAGAGCAACACTGTATGTATGATGACTTATTTGCGCACTGTGACATCCG	5940
Qy	5941	CAGGAAGTACTGGGCAATTTGAGGAGCTTACCCCTGAGTGTCAATACAGCTTGACAT	6000
Db	5941	CAGGAAGTACTGGGCAATTTGAGGAGCTTACCCCTGAGTGTCAATACAGCTTGACAT	6000
Qy	6001	CGGTGGCTTCCACACCCCGACGGAAGATGATTTGGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTAAAGAT	6060
Db	6001	CGGTGGCTTCCACACCCCGACGGAAGATGATTTGGCGGCTCATTTGCTTGGGCTTAAAGAT	6060

QY 6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTTAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
| | | | |
Db 6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTTAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCAGTGTAACTATCTCGTGTGTCTTCTACAGCTGCCAAGAGGGGTACAAGGCC 6180
| | | | |
Db 6121 GAGCAGTGTAACTATCTCGTGTGTCTTCTACAGCTGCCAAGAGGGGTACAAGGCC 6180
QY 6181 CTGGATTTGATCAGGTATGCTCCAGCAGCTGTTCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTC 6240
| | | | |
Db 6181 CTGGATTTGATCAGGTATGCTCCAGCAGCTGTTCATGCGGTGCTGAACTCATCTTTTC 6240
QY 6241 TGTGAGATGTGTTTTCAGAACTTTACAAAGAACCCGAACCTTGTTCAAATTAATCGAGA 6300
| | | | |
Db 6241 TGTGAGATGTGTTTTCAGAACTTTACAAAGAACCCGAACCTTGTTCAAATTAATCGAGA 6300
QY 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGAGGTGCGGTAGACCGGACCCAACTGATTC 6360
| | | | |
Db 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAACGCTAGGCTGTGAGGTGCGGTAGACCGGACCCAACTGATTC 6360
QY 6361 GACTAGCTTGTGTCTCAATTAATGCGGTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAAAATGGAGA 6420
| | | | |
Db 6361 GACTAGCTTGTGTCTCAATTAATGCGGTAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAAAATGGAGA 6420
QY 6421 TCACATTTTGTATACAGCAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTCACCCAGGTGCCCCAAC 6480
| | | | |
Db 6421 TCACATTTTGTATACAGCAGTATCTCTCCAAATGTCTGTTCACCCAGGTGCCCCAAC 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCGGTGAGCGGCTAGCAGGTCTAGTGTATCTAGGTGAGGCCAA 6540
| | | | |
Db 6481 CTTGAGAGCTGAGTGGCGGTGAGCGGCTAGCAGGTCTAGTGTATCTAGGTGAGGCCAA 6540
QY 6541 AACTCTTGTGAGCAGATCTGCTTGTGATACGCTCTGACGCTAAGGAGGTAAAACTGTAA 6600
| | | | |
Db 6541 AACTCTTGTGAGCAGATCTGCTTGTGATACGCTCTGACGCTAAGGAGGTAAAACTGTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCGCGGTGAGCGGTACACACTGTGTGCGGCATGCACTTAAATTTGGTGA 6660
| | | | |
Db 6601 GCTTCCCTTCGCGGTGAGCGGTACACACTGTGTGCGGCATGCACTTAAATTTGGTGA 6660
QY 6661 TGCACTTGAAGCAATGATCTGTATTCCTCAAAACAACACTCTAGTATGAGAGCCGCAAT 6720
| | | | |
Db 6661 TGCACTTGAAGCAATGATCTGTATTCCTCAAAACAACACTCTAGTATGAGAGCCGCAAT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTTGTTCAAACAGGAGTTGCGCGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTTTC 6780
| | | | |
Db 6721 GTCCGCTCTTGTTCAAACAGGAGTTGCGCGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTTTC 6780
QY 6781 AGCTGCGTTGACACACCAACTGCGACGCCCTTCATGCAAGAGTGTGTAAGAA 6840
| | | | |
Db 6781 AGCTGCGTTGACACACCAACTGCGACGCCCTTCATGCAAGAGTGTGTAAGAA 6840
QY 6841 GCGCCAGTTCCGCGGCAAGAACTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
| | | | |
Db 6841 GCGCCAGTTCCGCGGCAAGAACTGCTTACCTTGCCTCCCTCCGAGATCCGTC 6900
QY 6901 AGGAGTGTCAATGCTGAAAGCCTGCAAGAGTGAACCGTTAAGAGTCTTCAAACT 6960
| | | | |
Db 6901 AGGAGTGTCAATGCTGAAAGCCTGCAAGAGTGAACCGTTAAGAGTCTTCAAACT 6960
QY 6961 CCTCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGCGCATGCGCATGCGCTGTGTGGAAGCGGTGA 7020
| | | | |
Db 6961 CCTCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGCGCATGCGCATGCGCTGTGTGGAAGCGGTGA 7020
QY 7021 GTGTAAACCTTTACTGCAATTTGATGTGCAATGACGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
| | | | |
Db 7021 GTGTAAACCTTTACTGCAATTTGATGTGCAATGACGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
QY 7081 TTTTACCAGTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGCTCAGACGAAATTTGTGCAC 7140
| | | | |
Db 7081 TTTTACCAGTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGCTCAGACGAAATTTGTGCAC 7140

QY 7141 GGCTACAAACCGTTTCCAGCTACGTTACTGAGCCCCCGGTAACTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
| | | | |
Db 7141 GACTACAAACCGTTTCCAGCTACGTTACTGAGCCCCCGGTAACTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
QY 7201 TTCCACTGATCAGCCCCCGCAACCGGCTTACAAAAGAAATTTGGGAAAGATGAGTT 7260
| | | | |
Db 7201 TTCCACTGATCAGCCCCCGCAACCGGCTTACAAAAGAAATTTGGGAAAGATGAGTT 7260
QY 7261 TTCCGTCAGTACGAGCTACCTGAGCCGATGAGTGAATTTGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
| | | | |
Db 7261 TTCCGTCAGTACGAGCTACCTGAGCCGATGAGTGAATTTGCTTCAAACTGCTTAAAGT 7320
QY 7321 TCTGTCTCAACTCGGGCCATCACTAGTGTCTTCTCAACCAAGATCAATGTTGATGT 7380
| | | | |
Db 7321 TCTGTCTCAACTCGGGCCATCACTAGTGTCTTCTCAACCAAGATCAATGTTGATGT 7380
QY 7381 GACTAGCCGCGGAGTGGGAGCTTAGAAAAAATAAGTCACTAATTAATGACAACTCT 7440
| | | | |
Db 7381 GACTAGCCGCGGAGTGGGAGCTTAGAAAAAATAAGTCACTAATTAATGACAACTCT 7440
QY 7441 GTTCCCCCATCAATACCAAGCAAGTGAATTTGGCTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
| | | | |
Db 7441 GTTCCCCCATCAATACCAAGCAAGTGAATTTGGCTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
QY 7501 CGGTGTCAATGTGAGCTATGATGAAGTAGACAGCTCAACGCCCTTAAGTCTGTAAATGTC 7560
| | | | |
Db 7501 CGGTGTCAATGTGAGCTATGATGAAGTAGACAGCTCAACGCCCTTAAGTCTGTAAATGTC 7560
QY 7561 CCACATCACTGGCTTGGGGGCACTGATGTCTGTGAGAGGCCCGCAGGCTGTTC 7620
| | | | |
Db 7561 CCACATCACTGGCTTGGGGGCACTGATGTCTGTGAGAGGCCCGCAGGCTGTTC 7620
QY 7621 GGACTTGGCAAGATGTGTGAGGAGGAGTGAATACCGAGTCAATTTCCGCAAACTGTGAT 7680
| | | | |
Db 7621 GGACTTGGCAAGATGTGTGAGGAGGAGTGAATACCGAGTCAATTTCCGCAAACTGTGAT 7680
QY 7681 AGTTCAAAAGAGAGAGTCTTGTGTAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAAAACCCCAAG 7740
| | | | |
Db 7681 AGTTCAAAAGAGAGAGTCTTGTGTAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAAAACCCCAAG 7740
QY 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTTGAATGATGTGTGAGAAAGATGTAACGCTCAGGT 7800
| | | | |
Db 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTTGAATGATGTGTGAGAAAGATGTAACGCTCAGGT 7800
QY 7801 TGCTCTGACGTAATTAAGCTGTCAATGGGAGATGCGGATTTGTGATCCAGTAC 7860
| | | | |
Db 7801 TGCTCTGACGTAATTAAGCTGTCAATGGGAGATGCGGATTTGTGATCCAGTAC 7860
QY 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGATGTGTCACCCGATGCAATGCGAGCCAGTGCATAC 7920
| | | | |
Db 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGATGTGTCACCCGATGCAATGCGAGCCAGTGCATAC 7920
QY 7921 AGTGTGTTTGAACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTAC 7980
| | | | |
Db 7921 AGTGTGTTTGAACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTAC 7980
QY 7981 AGCAGCTAACTCAATGACCAACCCGAGCTGGCAATTCACCAATTTGCGAGGAGTTAT 8040
| | | | |
Db 7981 AGCAGCTAACTCAATGACCAACCCGAGCTGGCAATTCACCAATTTGCGAGGAGTTAT 8040
QY 8041 CGCTGAGGAGCCGATGATGCTTATGATGCGCAGAGATCGGATATCGTAAAGTGTAGT 8100
| | | | |
Db 8041 CGCTGAGGAGCCGATGATGCTTATGATGCGCAGAGATCGGATATCGTAAAGTGTAGT 8100
QY 8101 TTCCGCGCTCTAATCTAATCTCAAGTTTCAACAGTTTGCCTGTGCTGAAGTTATGC 8160
| | | | |
Db 8101 TTCCGCGCTCTAATCTAATCTCAAGTTTCAACAGTTTGCCTGTGCTGAAGTTATGC 8160
QY 8161 TGCAGCCGAACGAGCTGGAGTAAGAACCTCGCTTCTTAATTTGGGAGATGATTCAC 8220
| | | | |
Db 8161 TGCAGCCGAACGAGCTGGAGTAAGAACCTCGCTTCTTAATTTGGGAGATGATTCAC 8220
QY 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGAGACAGATGACAGCAAAACAGCAATCGTGTCTTGTAG 8280
| | | | |

|||||
Db 361 TGGGATGCTGGGGTTTACCATTCATACCGTACTGCTGATAGGCTCTTGCGAGGGGAT 420
Qy 421 CTGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTGTATATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACC 480
Db 421 CTGGGAGTCTCGTAGACCGTAGACATGCTGTATATTTCTACTCAAAACAAGTCTGTACC 480
Qy 481 TGGGCCAAGACGGCGAAGAACAGACAGACGACAGGCTTCATATCCGTGTCCATTAAAC 540
Db 481 TGGGCCAAGACGGCGAAGAACAGACAGACGACAGGCTTCATATCCGTGTCCATTAAAC 540
Qy 541 ATCTGTGAAGGGGCAACAGACGCAAAAGCCAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
Db 541 ATCTGTGAAGGGGCAACAGACGCAAAAGCCAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTGTAA 600
Qy 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATGAGCTTGACAGATTTGGCTCAGGCTGTTTGCACG 660
Db 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATGAGCTTGACAGATTTGGCTCAGGCTGTTTGCACG 660
Qy 661 TCATGTGTGGGACGGCCAAAGACCTTGCCATAGTCTCCGAATTTGGAAATCCTTTGGA 720
Db 661 TCATGTGTGGGACGGCCAAAGACCTTGCCATAGTCTCCGAATTTGGAAATCCTTTGGA 720
Qy 721 TTACCCCTTTGGGGTGGATTTGGTATGTTACAACTCACAACCTCTAGTAGGCCGCTGGT 780
Db 721 TTACCCCTTTGGGGTGGATTTGGTATGTTACAACTCACAACCTCTAGTAGGCCGCTGGT 780
Qy 781 GGCAGAGAGCGGTGTTTGCACAGTCTGCCAGATAGTACGCTTGGCTGGAGAGTAGTCAA 840
Db 781 GGCAGAGAGCGGTGTTTGCACAGTCTGCCAGATAGTACGCTTGGCTGGAGAGTAGTCAA 840
Qy 841 CTGGGGCTACGTGTGGTTCGGGTCCACCTTTTGGTATGCTGTCTATCTTTGGCCGG 900
Db 841 CTGGGGCTACGTGTGGTTCGGGTCCACCTTTTGGTATGCTGTCTATCTTTGGCCGG 900
Qy 901 TCCCTGTAGTGGGGCCGCGGTCTGACCAACCAACAAATCCAAATCTGACCAATTTG 960
Db 901 TCCCTGTAGTGGGGCCGCGGTCTGACCAACCAACAAATCCAAATCTGACCAATTTG 960
Qy 961 CTGCGACGCGTAACTCAGGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGGCTACACGAGCTGGT 1020
Db 961 CTGCGACGCGTAACTCAGGTTATCTATTTGTTCTCTTCCACTTGGCTACACGAGCTGGT 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTCCCGCAATCCGTATATCTCCACCCCTTCCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGGTCCCGCAATCCGTATATCTCCACCCCTTCCAA 1080
Qy 1081 TTGSACTGGCAGCGACTCTCTTCTTGGCTGACACATTTGATTTTGTATGGGCGCTTTGT 1140
Db 1081 TTGSACTGGCAGCGACTCTCTTCTTGGCTGACACATTTGATTTTGTATGGGCGCTTTGT 1140
Qy 1141 GACCTGTGACGCGCTTGAACATTTGATGATTTGTGTGGTGTGTATTTAGTCGTGACTG 1200
Db 1141 GACCTGTGACGCGCTTGAACATTTGATGATTTGTGTGGTGTGTATTTAGTCGTGACTG 1200
Qy 1201 GCTTGTACAGGCACTGGCTTATTCACATAGACCTCAATGAACTGTATCTTTTAACTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTACAGGCACTGGCTTATTCACATAGACCTCAATGAACTGTATCTTTTAACTGGA 1260
Qy 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGGGTTCTTGAAGGTTTATCGGGTGGATGGCCGGAAGGT 1320
Db 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGGGTTCTTGAAGGTTTATCGGGTGGATGGCCGGAAGGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAAACTGGCTTCAAAATGACATATTCGCTATTCGACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACAAACTGGCTTCAAAATGACATATTCGCTATTCGACTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGAGGTATACACTGCTGGCGGTTGGGCTGTGATCTACTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Db 1381 GTTTAGAGGTATACACTGCTGGCGGTTGGGCTGTGATCTACTATGCTCTCGGGGCAA 1440
Qy 1441 GTGGTATCACTTCTCTTACGCGCTTATGCTTACATGAGACGACTCTTGAACCTCTAT 1500
Db 1441 GTGGTATCACTTCTCTTACGCGCTTATGCTTACATGAGACGACTCTTGAACCTCTAT 1500

|||||
Db 1441 GTGTATCAGTTGCTCTTACGCGCTTATGCTTATACATAGAACGACCTCTGAAACCTCTAT 1500
Qy 1501 CAGGCTGCCACTGGAATGCTCAATAGCTGAGTTTGGCTTCGCTTTGATGATACATGCTCC 1560
Db 1501 CAGGCTGCCACTGGAATGCTCAATAGCTGAGTTTGGCTTCGCTTTGATGATACATGCTCC 1560
Qy 1561 TTGCCACTTATTTTGAAGGAATGTGTCAGAAAGTCAATTTGTATACAGTCCAAAGTGAC 1620
Db 1561 TTGCCACTTATTTTGAAGGAATGTGTCAGAAAGTCAATTTGTATACAGTCCAAAGTGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTTGAAGTATTAACAATCCATATCTTGGTATCCCTATATCAATCCCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTTGAAGTATTAACAATCCATATCTTGGTATCCCTATATCAATCCCTGG 1680
Qy 1681 TGGGAGGGATGTATGTATTAATTCAAATAACATGAGGTTGCTGCGGATTCGCAA 1740
Db 1681 TGGGAGGGATGTATGTATTAATTCAAATAACATGAGGTTGCTGCGGATTCGCAA 1740
Qy 1741 TGTGCACTGTACTGACTATGGGCACTGATGCAAGTGGAAACGACACTCGCAACTTA 1800
Db 1741 TGTGCACTGTACTGACTATGGGCACTGATGCAAGTGGAAACGACACTCGCAACTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGAGCTAACACCGCATGACAAAGCTCAGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCAATGAGCTAACACCGCATGACAAAGCTCAGCCCTGAA 1860
Qy 1861 ATTGCTATTTATCAATACCTCGGCTTAAAGAAATGTTAAACCTCAATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTGCTATTTATCAATACCTCGGCTTAAAGAAATGTTAAACCTCAATATTTGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCAATTTGATTTTGAAGGATCAGATPACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCTGTGAA 1980
Db 1921 AGGCAATTTGATTTTGAAGGATCAGATPACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCTGTGAA 1980
Qy 1981 TTCACTCTCTTCAACACCGGAGAGGTGAGTTGGCCGATACCCACTTGTGTACG 2040
Db 1981 TTCACTCTCTTCAACACCGGAGAGGTGAGTTGGCCGATACCCACTTGTGTACG 2040
Qy 2041 TGGTCTTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTATACATGATGTTGAAGAACTGAGCCACAAG 2100
Db 2041 TGGTCTTGTGTTACAGGTTCCGCAAGGTTTATACATGATGTTGAAGAACTGAGCCACAAG 2100
Qy 2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGGAAAAATATACAGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC 2160
Db 2101 ATTGATCACCAAGACAAAGCCTGGAAAAATATACAGTCTTATATTTCCGCAAGGCTGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTACGGAGTTTACCAACAAAGCCGTGTGCTAATTTCTGTGGGTTGTGTGG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGGAGTTTACCAACAAAGCCGTGTGCTAATTTCTGTGGGTTGTGTGG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTTAAAGCTTACCTGTATCTTGTGCCCTTGTGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTTAAAGCTTACCTGTATCTTGTGCCCTTGTGGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGGTAACTCTTGGCTGTGCTGCCATCCAGTGTATCTCCAAAGCTGGCTGGGATGT 2340
Db 2281 TGGTAACTCTTGGCTGTGCTGCCATCCAGTGTATCTCCAAAGCTGGCTGGGATGT 2340
Qy 2341 TTTGTCTAAAGCTCAAGTATGCTTTTGTGCTTGAATTTTCTTCATGTGTTGCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTAAAGCTCAAGTATGCTTTTGTGCTTGAATTTTCTTCATGTGTTGCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGCTACGTATAGTCTGCCCTTTTAAAGGTTTGGCCAAAGGCTGGGGCTTGCCTC 2460
Db 2401 CTGCAAGCTACGTATAGTCTGCCCTTTTAAAGGTTTGGCCAAAGGCTGGGGCTTGCCTC 2460
Qy 2461 AACTTTCTTGTGTGACAGCTGTGCCCCAACAGATTTATGACTGGTGGGTGGGACTGTCT 2520
Db 2461 AACTTTCTTGTGTGACAGCTGTGCCCCAACAGATTTATGACTGGTGGGTGGGACTGTCT 2520
Qy 2521 AGTGGAGGGTTAGTTTGTGGGCGGGCCGTAAACGCTGTACCGCATAGCTGTCTTGT 2580
Db 2521 AGTGGAGGGTTAGTTTGTGGGCGGGCCGTGACCGTGTGCAACGTATAGCTGTCTTGT 2580

QY 2581 AGGTCCTTGGCCCTGTGATGCGCTTTTAAACCCCTGTGATTTGGTTAGCGCCGTTCAGC 2640
Db 2581 AGGTCCTTGGCCCTGTGATGCGCTTTTAAACCCCTGTGATTTGGTTAGCGCCGTTCAGC 2640
QY 2641 TTTTGTATACCGAGATATTTGGAGGGCTGACAATACACCTGTAGTATGATTTGTTCAT 2700
Db 2641 TTTTGTATACCGAGATATTTGGAGGGCTGACAATACACCTGTAGTATGATTTGTTCAT 2700
QY 2701 GTCTGCTTTGGACTTCTTGTGCTCACTTGTATCCTGTGCTGTGCTTTAGTTAACTCCATCT 2760
Db 2701 GTCTGCTTTGGACTTCTTGTGCTCACTTGTATCCTGTGCTGTGCTTTAGTTAACTCCATCT 2760
QY 2761 TTGGCAAGTGTGGAGAAATGGTTTGGAGCTTAACTAAGACCGAGAGAGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGTGTGGAGAAATGGTTTGGAGCTTAACTAAGACCGAGAGAGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGTGCTGCTTTGTTTCCCGGTGGACATATGACGCGCTGGTACTTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGCTTTGTTTCCCGGTGGACATATGACGCGCTGGTACTTTCTGTGTGTCA 2880
QY 2881 CGTAGCTTCTCATGTTTAACTCCAGTGCAGCATCGTCTTTGGGACTGACTAGGGGT 2940
Db 2881 CGTAGCTTCTCATGTTTAACTCCAGTGCAGCATCGTCTTTGGGACTGACTAGGGGT 2940
QY 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGTGCGCTCTCGAAAGTGTCACTTGTATTCATTAATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGAAATGTTGTGCGCTCTCGAAAGTGTCACTTGTATTCATTAATGT 3000
QY 3001 TCTTAAAGTTTTCCTCTTATGTTTGGTGTGAGAAATGTGTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAAGTTTTCCTCTTATGTTTGGTGTGAGAAATGTGTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
QY 3061 TGTGATGTCTTGTCTAATGATTTTGGCTGAAATCACTGCAAGGCACTTTTCCC 3120
Db 3061 TGTGATGTCTTGTCTAATGATTTTGGCTGAAATCACTGCAAGGCACTTTTCCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGCAAGGCAAGGCTCTATAGGAATGAAGAGAGACGCTTGGCGTGGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGCAAGGCAAGGCTCTATAGGAATGAAGAGAGACGCTTGGCGTGGGAGAC 3180
QY 3181 GGTGTGATGTGTTGCCCGTGTGTTGGCGCTCTCGGCGACCTTGTTCGACGGGTAGCAT 3240
Db 3181 GGTGTGATGTGTTGCCCGTGTGTTGGCGCTCTCGGCGACCTTGTTCGACGGGTAGCAT 3240
QY 3241 GCCCGCAAGATGGGTGGGCGCATTAACCGCACTTTAACCTGAGGTCTCTGAAACGTGG 3300
Db 3241 GCCCGCAAGATGGGTGGGCGCATTAACCGCACTTTAACCTGAGGTCTCTGAAACGTGG 3300
QY 3301 CACGCTGTCAAGCATGAGCATGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3360
Db 3301 CACGCTGTCAAGCATGAGCATGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3360
QY 3361 TATCTTCAGATTAAGATCTGTGGCCACTAGCTAATGAGGATTTGTGTGAACAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAAGATCTGTGGCCACTAGCTAATGAGGATTTGTGTGAACAAGTGT 3420
QY 3421 GTATATCTGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3480
Db 3421 GTATATCTGTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3480
QY 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACAGAGATCTATCAACACCATGTGAGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACAGAGATCTATCAACACCATGTGAGAGCTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTAATCTGCTGCTTGTGCGGGAGAACCAAGGGATCTGTGTAAACGACTGGGCTC 3600
Db 3541 GTCCCTTAATCTGCTGCTTGTGCGGGAGAACCAAGGGATCTGTGTAAACGACTGGGCTC 3600
QY 3601 ATTGGTTAGAGTCAACAAATCCGATGATCCCTTATTTGGTGTGTGCGGGGCTTCCCAT 3660
Db 3601 ATTGGTTAGAGTCAACAAATCCGATGATCCCTTATTTGGTGTGTGCGGGGCTTCCCAT 3660

QY 3661 GGCTGTTGCCAAGGGTTCCTGAGGTGCCCGGATTCGTGTCTCTTCCGGGACATGTTATTGG 3720
Db 3661 GGCTGTTGCCAAGGGTTCCTGAGGTGCCCGGATTCGTGTCTCTTCCGGGACATGTTATTGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGCTGCTGAAATTTCTGGCGGTTCACTGATGATGATGATGATGATGATG 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGCTGAAATTTCTGGCGGTTCACTGATGATGATGATGATGATGATG 3780
QY 3781 GGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3840
Db 3781 GGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3840
QY 3841 TGTGCTTAACGAGATTCAGTGCAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGAGATTCAGTGCAAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTT 3900
QY 3901 CAAATTAACCACTTCTTACATGACAGAGAAATATGAGGTCTTGGTCTTAAATCCCAAGGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCACTTCTTACATGACAGAGAAATATGAGGTCTTGGTCTTAAATCCCAAGGT 3960
QY 3961 GGCTAACAAGCATCAATGCGCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4020
Db 3961 GGCTAACAAGCATCAATGCGCAAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4020
QY 4021 CTATTTTAAATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTATGATGATGATGATG 4080
Db 4021 CTATTTTAAATGGCAAAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTATGATGATGATGATG 4080
QY 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4140
Db 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCCCGGAACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4140
QY 4141 TACCGATGACCAACCGGTTGGGATGGAAGAGTCCCTAATCCGAAAGCTCCATCAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGACCAACCGGTTGGGATGGAAGAGTCCCTAATCCGAAAGCTCCATCAAAA 4200
QY 4201 TGTTAGGCTAGTGTGTTCTTGCACAGGTAACCCCTGAGATTAATCCCTAACAACATGC 4260
Db 4201 TGTTAGGCTAGTGTGTTCTTGCACAGGTAACCCCTGAGATTAATCCCTAACAACATGC 4260
QY 4261 CAACATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4320
Db 4261 CAACATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4320
QY 4321 TAAAGGAAATATGAAAGAGGAGACACTTATCTTGAAGCTACCAAAAACATG 4380
Db 4321 TAAAGGAAATATGAAAGAGGAGACACTTATCTTGAAGCTACCAAAAACATG 4380
QY 4381 TGAATGACCTGCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGGAATACAGCTGTCTTATATAGGGG 4440
Db 4381 TGAATGACCTGCTAACGAGTTAGCTCGAAAGGGAATACAGCTGTCTTATATAGGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGACGTGTGTAGTGTGCTGCTGATGCTTGTG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGACGTGTGTAGTGTGCTGCTGATGCTTGTG 4500
QY 4501 TACAGGTTACATGCTGATCTTGTATTCGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
Db 4501 TACAGGTTACATGCTGATCTTGTATTCGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4560
QY 4561 ATGCGATGTTGACCTTGAACCTTATCAACCATGGGTGTTGTTGTGTGCGGGGTTTCAGC 4620
Db 4561 ATGCGATGTTGACCTTGAACCTTATCAACCATGGGTGTTGTTGTGTGCGGGGTTTCAGC 4620
QY 4621 AATGTTTAAAGGCGATGAGGGGCGGACAGGCGCTGGAGAGAGCTGGCATATCTACTA 4680
Db 4621 AATGTTTAAAGGCGATGAGGGGCGGACAGGCGCTGGAGAGAGAGCTGGCATATCTACTA 4680
QY 4681 TGTAGAGAGGAGTTGTACCCCTTGGGTATGTTGTTCTGAATGCAACATGTTGTAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAGAGAGGAGTTGTACCCCTTGGGTATGTTGTTCTGAATGCAACATGTTGTAAGCTT 4740
QY 4741 CGACGACCAAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4800

4741 CGACGACGCAAGGATGGTATGGTTTGTGATCAACAGAACTCAAACTATTCTGACAC 4800
4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
4801 CTATGCAACCAACTGGGTTACTGCGATAGAGCAAAATTTGACGAGTGGGCTGATCT 4860
4861 CTTTTCTATGCTCAACCCCGAACTTTGTCATATCTGCAGAAAAGAACTGCTGACAA 4920
4861 CTTTTCTATGCTCAACCCCGAACTTTGTCATATCTGCAGAAAAGAACTGCTGACAA 4920
4921 TTATGTTTTGTGACTGACGCCCACTAGAACGTGTGATGATGCTATGCTGCTCC 4980
4921 TTATGTTTTGTGACTGACGCCCACTAGAACGTGTGATGATGCTATGCTGCTCC 4980
4981 CAATGACGACCAAGGTGGCAAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGTGGGTTCTGTG 5040
4981 CAATGACGACCAAGGTGGCAAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGTGGGTTCTGTG 5040
5041 GCGCTTGGACGGGCTGACGCTGTCTTGGCCCAAGGCCCAAGAGGTGACCAATGATCCA 5100
5041 GCGCTTGGACGGGCTGACGCTGTCTTGGCCCAAGGCCCAAGAGGTGACCAATGATCCA 5100
5101 AATGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGAGGACAGCCGACCTCGCTTGGGCTTGGAGT 5160
5101 AATGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGAGGACAGCCGACCTCGCTTGGGCTTGGAGT 5160
5161 GGGTATGGCTTATCTAGCAATGACATTTTGGCGCACCTTGTGTGGGCTTGTCTGTGTC 5220
5161 GGGTATGGCTTATCTAGCAATGACATTTTGGCGCACCTTGTGTGGGCTTGTCTGTGTC 5220
5221 TATTCATCATGTCCTTACCGGCTGCTACTGTCCGCCAGAGTGTGACGAAAGAAATCGT 5280
5221 TATTCATCATGTCCTTACCGGCTGCTACTGTCCGCCAGAGTGTGACGAAAGAAATCGT 5280
5281 GAGGAGGTGGCATCTTCAATCCCTTGGAGGCATGTTGCGCAATGATGATGATGATGAT 5340
5281 GAGGAGGTGGCATCTTCAATCCCTTGGAGGCATGTTGCGCAATGATGATGATGATGAT 5340
5341 GAGTACAAATCACCAAACTAGTCCCTTTCATCTTGGAAACCGCCCTTGGAAAACTTAAAC 5400
5341 GAGTACAAATCACCAAACTAGTCCCTTTCATCTTGGAAACCGCCCTTGGAAAACTTAAAC 5400
5401 CTTTCTTGGGCTTCAAGCACTGCTTCTGCTATCATAGAGTATTTGCTGTGCTTAAT 5460
5401 CTTTCTTGGGCTTCAAGCACTGCTTCTGCTATCATAGAGTATTTGCTGTGCTTAAT 5460
5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTTCATCATGCGTGTGCTTTCATTTGCGGGATTTACTAC 5520
5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTTCATCATGCGTGTGCTTTCATTTGCGGGATTTACTAC 5520
5521 CCCACTACCTCAACAGATCAAAATGTTCTGTCAATTTTGGAGGCGCAATTCGCTCAA 5580
5521 CCCACTACCTCAACAGATCAAAATGTTCTGTCAATTTTGGAGGCGCAATTCGCTCAA 5580
5581 GCTTACAGAGCTGAGGCGCACTGGCTTATGATGAGCCGCGGCTGCGGAAACACTCT 5640
5581 GCTTACAGAGCTGAGGCGCACTGGCTTATGATGAGCCGCGGCTGCGGAAACACTCT 5640
5641 TGGTATACGAGCAATCGGTGGGTTTGTCTTTCATGATGATGAGGCGCTGCGGCTG 5700
5641 TGGTATACGAGCAATCGGTGGGTTTGTCTTTCATGATGATGAGGCGCTGCGGCTG 5700
5701 ATCCACTGCTTGTGATCAATTTAAATGCTTGTGATGAGTGGGCGCAATGATGATGAT 5760
5701 ATCCACTGCTTGTGATCAATTTAAATGCTTGTGATGAGTGGGCGCAATGATGATGAT 5760
5761 TGTGCTTATGCTTACTCCGCTTCAATCCGCGGAGAGGAGTGTGGGCTTGTGACAG 5820
5761 TGTGCTTATGCTTACTCCGCTTCAATCCGCGGAGAGGAGTGTGGGCTTGTGACAG 5820
5821 TTGTGCAATGTTGCTTTCACAGAGGCGCAGATCACTGCGCAACGAACTTCTTAC 5880
5821 TTGTGCAATGTTGCTTTCACAGAGGCGCAGATCACTGCGCAACGAACTTCTTAC 5880

5821 TTGTGCAATGTTGCTTTCACAGAGGCGCAGATCACTGCGCAACGAACTTCTTAC 5880
5881 TATGCTTCTAGAGCAACACTGTATGTAAATGATCTTTATTTGCACTCGTGAATCCG 5940
5881 TATGCTTCTAGAGCAACACTGTATGTAAATGATCTTTATTTGCACTCGTGAATCCG 5940
5941 CAGAAAGTACTGGGCTTCTGAGGAGCTTACCCCTGAGAGTGCATATGAGCTTGCAT 6000
5941 CAGAAAGTACTGGGCTTCTGAGGAGCTTACCCCTGAGAGTGCATATGAGCTTGCAT 6000
6001 CCGTGGCTCAACACCCCGAGAGATGATTCGCGCTCATTTGCTGGGCTTGAAGAT 6060
6001 CCGTGGCTCAACACCCCGAGAGATGATTCGCGCTCATTTGCTGGGCTTGAAGAT 6060
6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6061 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6121 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6121 TTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6181 CTGATTTGGAATCAGGTATGCTTCAAGACAGCTGTCCATGCGGTGTGAATCTGATCTTTC 6240
6181 CTGATTTGGAATCAGGTATGCTTCAAGACAGCTGTCCATGCGGTGTGAATCTGATCTTTC 6240
6241 TGTGAGAAATGGTTTTTGGCAAACTTTACAAAGAGACCCGAACTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
6241 TGTGAGAAATGGTTTTTGGCAAACTTTACAAAGAGACCCGAACTTGTCAAATTAATCTGAG 6300
6301 AGGGCTGTTCAGTCAACAGCTAGGCTGTGTGGGTGCGGTAGACCGGACCCAACTGATG 6360
6301 AGGGCTGTTCAGTCAACAGCTAGGCTGTGTGGGTGCGGTAGACCGGACCCAACTGATG 6360
6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGCGGTTAGGGACTAGTAAATATGAGAAATGGAGAA 6420
6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGCGGTTAGGGACTAGTAAATATGAGAAATGGAGAA 6420
6421 TCACATTTTGTGTTACAGCAGTATCTCTTCCAAATGTCTGTTTCAACCCAGGTGCCCAAC 6480
6421 TCACATTTTGTGTTACAGCAGTATCTCTTCCAAATGTCTGTTTCAACCCAGGTGCCCAAC 6480
6481 CTTGAGAGCTGACAGGCGGTGACAGGCTGACAGGCTGACAGGCTGACAGGCTGACAGG 6540
6481 CTTGAGAGCTGACAGGCGGTGACAGGCTGACAGGCTGACAGGCTGACAGGCTGACAGG 6540
6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTTACGCTCCGACGCTAAGGTTAAACTGTTAA 6600
6541 AACTCTTGGACGACATCTGCTGTGTTACGCTCCGACGCTAAGGTTAAACTGTTAA 6600
6601 GCTTCCCTTCCGCGTTGACAGTCAACACCTGCTGTGCGCAATGCAATTTTGGCTGA 6660
6601 GCTTCCCTTCCGCGTTGACAGTCAACACCTGCTGTGCGCAATGCAATTTTGGCTGA 6660
6661 TGCACCTGAGCAAAATGACTGTAAATTCATTAACAACAACCTTAATGATGAGAGCCGCAAT 6720
6661 TGCACCTGAGCAAAATGACTGTAAATTCATTAACAACAACCTTAATGATGAGAGCCGCAAT 6720
6721 GTCCGCTCTTGTTCACAAAGAGATGGCGGTGACAAACCAATTTGCTTGAAGCAATTTT 6780
6721 GTCCGCTCTTGTTCACAAAGAGATGGCGGTGACAAACCAATTTGCTTGAAGCAATTTT 6780
6781 AGCTGCGTTGACACCAACCTGCAAGCCCTTCCATGCAAGAGTGTGTGTAAGAA 6840
6781 AGCTGCGTTGACACCAACCTGCAAGCCCTTCCATGCAAGAGTGTGTGTAAGAA 6840
6841 ACCTGCGTTGACACCAACCTGCAAGCCCTTCCATGCAAGAGTGTGTGTAAGAA 6840
6841 ACCTGCGTTGACACCAACCTGCAAGCCCTTCCATGCAAGAGTGTGTGTAAGAA 6840
6841 GCGCAGATTCGCGGCAAGAGTGTGCTTACCTTGTGCTTCCCTCCGAGATCCGTCCC 6900
6841 GCGCAGATTCGCGGCAAGAGTGTGCTTACCTTGTGCTTCCCTCCGAGATCCGTCCC 6900
6901 AGAGTGTGATGCTTGAAGAGCTGCAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGT 6960
6901 AGAGTGTGATGCTTGAAGAGCTGCAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGT 6960
6961 AGAGTGTGATGCTTGAAGAGCTGCAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGT 6960
6961 AGAGTGTGATGCTTGAAGAGCTGCAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGT 6960

Qy 6961 CCTCTTCACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCCCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Db 6961 CCTCTTCACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGGATGCCCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Qy 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACAGGCGGAGCCCTGATGA 7080
Qy 7081 TTATACCACTTACCTCCCAAAAGAGAGTCTCTGAATGTGTCAAGCAAAAGTTGGTGCAC 7140
Db 7081 TTATACCACTTACCTCCCAAAAGAGAGTCTCTGAATGTGTCAAGCAAAAGTTGGTGCAC 7140
Qy 7141 GGTACCAACCGTTTTCAGCTACGTTACTGCCCCCGTACCCCTTAAGATACGCGGAGAAAGA 7200
Db 7141 GGTACCAACCGTTTTCAGCTACGTTACTGCCCCCGTACCCCTTAAGATACGCGGAGAAAGA 7200
Qy 7201 TTCCACTCAGTACAGCCCCCGGCAAAAGGCGCTTACAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGAAT 7260
Db 7201 TTCCACTCAGTACAGCCCCCGGCAAAAGGCGCTTACAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGAAT 7260
Qy 7261 TTCCGTCAGCATAGCTACCTGGAACGAGCTGATTAAGTTCAAAACCTGCTTCTAAAGT 7320
Db 7261 TTCCGTCAGCATAGCTACCTGGAACGAGCTGATTAAGTTCAAAACCTGCTTCTAAAGT 7320
Qy 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTCTTCTCAAAAGAAATCATGTTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTCTTCTCAAAAGAAATCATGTTGTATGT 7380
Qy 7381 GACTGAGCGCGGGAGTGGGAGCTTAAAGAAAGAAAGTCACTTAATTAAGCAACTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCGCGGGAGTGGGAGCTTAAAGAAAGAAAGTCACTTAATTAAGCAACTCT 7440
Qy 7441 GTTCCCTCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAAGGAAAGGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCTCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAAGGAAAGGCTTCAAAAGTTGT 7500
Qy 7501 CGGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAATGAGCACTCAACGCGCTCTAAGTCTGCTAAGTC 7560
Db 7501 CGGTGTCAATGTGGAGCTATGATGAATGAGCACTCAACGCGCTCTAAGTCTGCTAAGTC 7560
Qy 7561 CCAATCATCTGGCCTTGGGGGCACTGATGTTCTGTGAGAGAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCAATCATCTGGCCTTGGGGGCACTGATGTTCTGTGAGAGAGCCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Qy 7621 GGACTTCAGAAAGTGTGAGAGGAGGAGATACCGAGTCAATATGGGCAAACTGTGAT 7680
Db 7621 GGACTTCAGAAAGTGTGAGAGGAGGAGATACCGAGTCAATATGGGCAAACTGTGAT 7680
Qy 7681 AGTTCAAAGAGAGGCTCTTCTGTGAAGACCCCGCAAGAACCAAAAGAAACCCCGCAG 7740
Db 7681 AGTTCAAAGAGAGGCTCTTCTGTGAAGACCCCGCAAGAACCAAAAGAAACCCCGCAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTCTGATCCCGCACTTGAATGAGATGTGTTGAGAAAGTGTACTACGCTCAGGT 7800
Db 7741 GCTTATCTCTGATCCCGCACTTGAATGAGATGTGTTGAGAAAGTGTACTACGCTCAGGT 7800
Qy 7801 TGCTCTGAGAGTATTAAGCTGTATGAGGAGATGCGGATGTTGATGATCCACCTAC 7860
Db 7801 TGCTCTGAGAGTATTAAGCTGTATGAGGAGATGCGGATGTTGATGATCCACCTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGGCTGTGTTGTGATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGGCTGTGTTGTGATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACCCGAGAGATATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAAGTACATCAACCCGAGAGATATCATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7980
Qy 7981 AGCAGCTAAACTCAGTACCAACCGAGCTGATTCACCACTTGCAGGAGGAGTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTAAACTCAGTACCAACCGAGCTGATTCACCACTTGCAGGAGGAGTTATA 8040

Qy 8041 CGCTGAGAGACCATGATTCGCTTATGATGCGCGAGAGATCCGATATCGTAGTGTAGCTC 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCATGATTCGCTTATGATGCGCGAGAGATCCGATATCGTAGTGTAGCTC 8100
Qy 8101 TTCCGGGCTCTATCTACCTCAAGTTCCACAGTTTGAACCTGCTGCTGAAGTAAATGC 8160
Db 8101 TTCCGGGCTCTATCTACCTCAAGTTTCCACAGTTTGAACCTGCTGCTGAAGTAAATGC 8160
Qy 8161 TGCAGCCGACAGGCTGATGAGAAACCCCTGCTCTTATTTGGCGGAGTATGATGAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGACAGGCTGATGAGAAACCCCTGCTCTTATTTGGCGGAGTATGATGAC 8220
Qy 8221 GGTAAATTTGAAGAGCGCGGAGCAGATGACAGCAAAACAGCAATGCGTGTCTTGTCTAG 8280
Db 8221 GGTAAATTTGAAGAGCGCGGAGCAGATGACAGCAAAACAGCAATGCGTGTCTTGTCTAG 8280
Qy 8281 CTGATGAGAGTGTATGAGTGTGACCAAGATTTGTGTCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Db 8281 CTGATGAGAGTGTATGAGTGTGACCAAGATTTGTGTCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATCATGCTCATCAAAATGTTACCTCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCCTTA 8400
Db 8341 AGAATTAACATCATGCTCATCAAAATGTTACCTCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCCTTA 8400
Qy 8401 CTACTTTCTTAACAAGATCCTCGTATCCCTTGTGAGAGTGTCTGCGAGGCTCTGGG 8460
Db 8401 CTACTTTCTTAACAAGATCCTCGTATCCCTTGTGAGAGTGTCTGCGAGGCTCTGGG 8460
Qy 8461 ATACAAACCCAGTGTCTGCTGAGATTTGGGATCTAATACATCACTAACCATTTTGTGGGT 8520
Db 8461 ATACAAACCCAGTGTCTGCTGAGATTTGGGATCTAATACATCACTAACCATTTTGTGGGT 8520
Qy 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGCTCATTTTATGAGAGAGATGCTCTTTAGGACAAACTTCCCGA 8580
Db 8521 TAGCCGTGTGTGGCTGCTCATTTTATGAGAGAGATGCTCTTTAGGACAAACTTCCCGA 8580
Qy 8581 GACGCTGACCTTGTGATGATGAGGAAATTAATACGCTGCTGAGAGATGCTGCCAG 8640
Db 8581 GACGCTGACCTTGTGATGATGAGGAAATTAATACGCTGCTGAGAGATGCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGATTTGAGGCTTTTCTGCTGTGCTGCTACACCAACGCTGA 8700
Db 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGATTTGAGGCTTTTCTGCTGTGCTGCTACACCAACGCTGA 8700
Qy 8701 GATCCTGAGAGTTTCCCAATCACATACAGATGACATGACGCCCCCTGCGAGAGCTGCGG 8760
Db 8701 GATCCTGAGAGTTTCCCAATCACATACAGATGACATGACGCCCCCTGCGAGAGCTGCGG 8760
Qy 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCAGCGCAGAGGCGTGGCGAGACACACGCAAAATT 8820
Db 8761 AAAGAAAGCCAGGCGGCTCTCGCAGCGCAGAGGCGTGGCGAGACACACGCAAAATT 8820
Qy 8821 GGTCTGCTTCTTCTGTGCGATGCTACATCTAGACCTTACACGATTTGATTAAGACGAG 8880
Db 8821 GGTCTGCTTCTTCTGTGCGATGCTACATCTAGACCTTACACGATTTGATTAAGACGAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTAATGAGATTTTACCTCCCGAGAGGCGGATGTGT 8940
Db 8881 CGTGGCTCGGTACACCACTTCAATTAATGAGATTTTACCTCCCGAGAGGCGGATGTGT 8940
Qy 8941 TATTAACCAACAGAGAAATTTGAGAGATTTCTTGTGAGATTTTGGCTGTCAATGTTTT 9000
Db 8941 TATTAACCAACAGAGAAATTTGAGAGATTTCTTGTGAGATTTTGGCTGTCAATGTTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTTGAAGGCTATGCTGTGATTAAGCATGAGTGAACCCCAATTTCAAAATTTAA 9060
Db 9001 TGCCCTTGAAGGCTATGCTGTGATTAAGCATGAGTGAACCCCAATTTCAAAATTTAA 9060
Qy 9061 CTAAAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGGCAACAGGCGAGACCCC 9116
Db 9061 CTAAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGCGAGGCGCAACAGGCGAGACCCC 9120
Qy 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133

Db 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137

RESULT 5

US-08-488-446-393
Sequence 393: Application US/08488446

Patent No. 6558898
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: JOHN N. SIMONS
APPLICANT: TAM J. PILOT-MATIAS
APPLICANT: GEORGE J. DAMSON
APPLICANT: GEORGE G. SCHLAUDER
APPLICANT: SURESH M. DESAI
APPLICANT: THOMAS P. LEARY
APPLICANT: ANTHONY SCOTT MUEHRHOF
APPLICANT: JAMES C. ERKER
APPLICANT: SHERI L. BUIJK
APPLICANT: ISA K. MUSHAMMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/488,446
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: PORZEMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ. ID NO. 393:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY: 5'UTR
LOCATION: 1..445
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 446..9037
FEATURE:
NAME/KEY: 3'UTR
LOCATION: 9038..9143
US-08-488-446-393

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
QY 1 ACCAACAACACTCGATTGTACACTCCGCTAGGATGCTCTCGAGACACCCCTCTAG 60
DB 1 ACCAACAACACTCGATTGTACACTCCGCTAGGATGCTCTCGAGACACCCCTCTAG 60

QY 61 CAGGCGGNGGAGATTTCCCTGCCCCGCTGACAGAAAGGTGAGCCAACTTATGAT 120
DB 61 CAGGCGGNGGAGATTTCCCTGCCCCGCTGACAGAAAGGTGAGCCAACTTATGAT 120
QY 121 GTAGGCGGCGGAGACTCATGACGCTCGGCTGATGACAAAGCCCAAGCTTGATGATGCG 180
DB 121 GTAGGCGGCGGAGACTCATGACGCTCGGCTGATGACAAAGCCCAAGCTTGATGATGCG 180
QY 181 CCTGATGGCGCTTATGATGGGTTCCGTTGGGTGGGCGCTTTAGACGCTTCCAGCCCA 240
DB 181 CCTGATGGCGCTTATGATGGGTTCCGTTGGGTGGGCGCTTTAGACGCTTCCAGCCCA 240
QY 241 CCTCCAGATAGACGCGGCGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCACTACAAAGAGCG 300
DB 241 CCTCCAGATAGACGCGGCGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCACTACAAAGAGCG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGTAGATACGCTTCCGGAAGTGTGGGCAAGCCCACTTATGTGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGTAGATACGCTTCCGGAAGTGTGGGCAAGCCCACTTATGTGT 360
QY 361 TGGATGTTGGGTTAGCCATCCATACGCTGCTGATAGGCTCTTGAGAGGAGAT 420
DB 361 TGGATGTTGGGTTAGCCATCCATACGCTGCTGATAGGCTCTTGAGAGGAGAT 420
QY 421 CTGGAGTCTGTAGACCGTAGACATGCTGTTATTTCTACTCAACAAAGTCTGTACC 480
DB 421 CTGGAGTCTGTAGACCGTAGACATGCTGTTATTTCTACTCAACAAAGTCTGTACC 480
QY 481 TCGGCCAGAAACGCGCAAGAACAGACAGACGAGGCTTCATCTCTGTGTCCATTTAAAC 540
DB 481 TCGGCCAGAAACGCGCAAGAACAGACAGACGAGGCTTCATCTCTGTGTCCATTTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTAAAGGGAGCAACGACGAAAGGCAAGCTCCAGGCGGATGCTGGCTGTAA 600
DB 541 ATCTGTTAAAGGGAGCAACGACGAAAGGCAAGCTCCAGGCGGATGCTGGCTGTAA 600
QY 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATGCTTGACAGATTTGCTGAGCTGCTTTGCGACG 660
DB 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATGCTTGACAGATTTGCTGAGCTGCTTTGCGACG 660
QY 661 TCATGTTGGGAGCGCCAAAGCCCTGCGCATAGCTGCGCATCTTGGAATCTTTCTGGA 720
DB 661 TCATGTTGGGAGCGCCAAAGCCCTGCGCATAGCTGCGCATCTTGGAATCTTTCTGGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
DB 721 TTACCTTTGGGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 780
QY 781 GGCAGAGCGGCTGTTCCGACAGCTGCGCATAGTACGCTTGAGAGATGAGTCAA 840
DB 781 GGCAGAGCGGCTGTTCCGACAGCTGCGCATAGTACGCTTGAGAGATGAGTCAA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 900
DB 841 CTGGGCTACTGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG 900
QY 901 TCCCTGTATGAGGCGCGGCTGACCTGACCCAGACCAATACCAATACCAATACCAATG 960
DB 901 TCCCTGTATGAGGCGCGGCTGACCTGACCCAGACCAATACCAATACCAATACCAATG 960
QY 961 CTGCGAGCTTAACAGGTTATCTATTTCTCTTCCACTTGCTTACAGAGCTGCTGTTG 1020
DB 961 CTGCGAGCTTAACAGGTTATCTATTTCTCTTCCACTTGCTTACAGAGCTGCTGTTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTGCGAGAGAGTGTGGTTCCTGCGCAATCCGTAATCTCAACCTTCCAA 1080
DB 1021 TGTGATCTGTGCGAGAGAGTGTGGTTCCTGCGCAATCCGTAATCTCAACCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGGAATGCGACGAGATCTCTTGTGGCTACACATTTGATTTTGTATGAGGCGCTCTGT 1140
DB 1081 TTGGAATGCGACGAGATCTCTTGTGGCTACACATTTGATTTTGTATGAGGCGCTCTGT 1140

QY 1141 GACCTGAGCCCTTGACATTGATGTTGTGCTGCTGTGTAATTAGTCGGTACATG 1200
DB 1141 GACCTGAGCCCTTGACATTGATGTTGTGCTGCTGTGTAATTAGTCGGTACATG 1200
QY 1201 GCTTGTACGGCAGCTGGCTTATTCACATAGACCTCAATGAAACGTGTAATCTTGA 1260
DB 1201 GCTTGTACGGCAGCTGGCTTATTCACATAGACCTCAATGAAACGTGTAATCTTGA 1260
QY 1261 AGTGCCCACTGAAATAGATCTGGGTTCTAGGGTTTATCGGATGATGGCCGCAAGGT 1320
DB 1261 AGTGCCCACTGAAATAGATCTGGGTTCTAGGGTTTATCGGATGATGGCCGCAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGACCAAACTGGCTTACAAAGTACATACCTATTTGCACTAT 1380
DB 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGACCAAACTGGCTTACAAAGTACATACCTATTTGCACTAT 1380
QY 1381 GTTTACAGATGACATACCTGGGCTGGCTGATCTATGATGCTTGGGGGCA 1440
DB 1381 GTTTACAGATGACATACCTGGGCTGGCTGATCTATGATGCTTGGGGGCA 1440
QY 1441 GTGGTATCAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTTACATAGAAAGCACTCTGAAACCTAT 1500
DB 1441 GTGGTATCAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTTACATAGAAAGCACTCTGAAACCTAT 1500
QY 1501 CAGGGTGCCCACTGATGCTCAATACCTGATGTTTCTGCTGCTTGTATGATGATGCTC 1560
DB 1501 CAGGGTGCCCACTGATGCTCAATACCTGATGTTTCTGCTGCTTGTATGATGATGCTC 1560
QY 1561 TTGGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTCAGAAAGTCAATTTGTAACAGTCCAAAGTGA 1620
DB 1561 TTGGCACTCTTATTTAGTGAAGATGTCAGAAAGTCAATTTGTAACAGTCCAAAGTGA 1620
QY 1621 CAGGCTTACCTAGATATTAACAATCTCATATCTGTGTAACCTTATACATCCCTG 1680
DB 1621 CAGGCTTACCTAGATATTAACAATCTCATATCTGTGTAACCTTATACATCCCTG 1680
QY 1681 TGGCAGGGATGTATGTTAAATTCAAAATTAACATGAGGTTGCTGCTGATTCGCA 1740
DB 1681 TGGCAGGGATGTATGTTAAATTCAAAATTAACATGAGGTTGCTGCTGATTCGCA 1740
QY 1741 TGGCAGATGTATGCTGACTATGAGGCACTGATGAGTGAAGCACTCTGCAACCTTA 1800
DB 1741 TGGCAGATGTATGCTGACTATGAGGCACTGATGAGTGAAGCACTCTGCAACCTTA 1800
QY 1801 CGAAGTATCGGCTGTAACAACATGCTGAACAACCGATGCGCAACGCTGACCTGA 1860
DB 1801 CGAAGTATCGGCTGTAACAACATGCTGAACAACCGATGCGCAACGCTGACCTGA 1860
QY 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
DB 1861 ATTGCTATATTAACAATACCTGGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
QY 1921 AGGCAATTTGTAATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCTGTGA 1980
DB 1921 AGGCAATTTGTAATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTTATGACCTGTGA 1980
QY 1981 TTCCAATCTCTACCAACGAGAGGTGGCTAGTTGCCCCGATACCCCACTGTGTAG 2040
DB 1981 TTCCAATCTCTCTACCAACGAGAGGTGGCTAGTTGCCCCGATACCCCACTGTGTAG 2040
QY 2041 TGGTCTTGTGTAACAGTTTCGCAAGGTTTATCAGTATGTGAAGACTTACGCAAG 2100
DB 2041 TGGTCTTGTGTAACAGTTTCGCAAGGTTTATCAGTATGTGAAGACTTACGCAAG 2100
QY 2101 ATTGATCCCAAGCAAGCCTGGAATAATTAAGGCTTATATTTCCGCAAGGCTGTC 2160
DB 2101 ATTGATCCCAAGCAAGCCTGGAATAATTAAGGCTTATATTTCCGCAAGGCTGTC 2160
QY 2161 TTTGTCTCTTACGAGGATTAACAACCAAGGCTGTGCTAATTTGTTGGGTTGTGG 2220
DB 2161 TTTGTCTCTTACGAGGATTAACAACCAAGGCTGTGCTAATTTGTTGGGTTGTGG 2220
QY 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCCTACTGTATCTGTTCCTTTGTTGGGCGGCTTC 2280

DB 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCCTACTGTATCTGTTCCTTTGTTGGGCGGCTTC 2280
QY 2281 TGGTATCCCTTGGCCGCTGTGTGCTCCCATCCGATGATATCTCAAGCTGGCGGATGT 2340
DB 2281 TGGTATCCCTTGGCCGCTGTGTGCTCCCATCCGATGATATCTCAAGCTGGCGGATGT 2340
QY 2341 TTTGTCTAAGCTCAAGTACTCTTTGCTTGAATTTTCTTATCTGTGCTATCTCCG 2400
DB 2341 TTTGTCTAAGCTCAAGTACTCTTTGCTTGAATTTTCTTATCTGTGCTATCTCCG 2400
QY 2401 CTGACGCTACGTTATGCTGCCCTTTTAAAGGTTGTGCCATGCTGGGCTTGCCCT 2460
DB 2401 CTGACGCTACGTTATGCTGCCCTTTTAAAGGTTGTGCCATGCTGGGCTTGCCCT 2460
QY 2461 AACTTCTTGTGTGACGACGCTGCGCCCAACAGATTAATGATGCTGGGTGGCATGCT 2520
DB 2461 AACTTCTTGTGTGACGACGCTGCGCCCAACAGATTAATGATGCTGGGTGGCATGCT 2520
QY 2521 AGTGCAAGGTTAGTTTGTGGGCGCGCTTAAACGCTGCTACCGCATAGCTGCTTGT 2580
DB 2521 AGTGCAAGGTTAGTTTGTGGGCGCGCTTAAACGCTGCTACCGCATAGCTGCTTGT 2580
QY 2581 AGTCTCTGCGCTGTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGAATTTGTTACGCTTGCAG 2640
DB 2581 AGTCTCTGCGCTGTGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGAATTTGTTACGCTTGCAG 2640
QY 2641 TTTTATACCGAGATATTTGAGGCTGACATACCACTGTATAGTATGATGCTAT 2700
DB 2641 TTTTATACCGAGATATTTGAGGCTGACATACCACTGTATAGTATGATGCTAT 2700
QY 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTACCTTGTACCTGCTGCTGCTTATTAACCTATGCT 2760
DB 2701 GTCTGTTTGGCTCTTGTGCTACCTTGTACCTGCTGCTGCTTATTAACCTATGCT 2760
QY 2761 TTGCAACGTTGGAGAAATGGTTTGAACGTTACACTAAGACCGGAGGTTTTCCT 2820
DB 2761 TTGCAACGTTGGAGAAATGGTTTGAACGTTACACTAAGACCGGAGGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCCGGCGCAATATGACGCTGCTGCTTCTGTGTGTGA 2880
DB 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCCGGCGCAATATGACGCTGCTGCTTCTGTGTGTGA 2880
QY 2881 CGTACTCTTCTATGTTTAAACATCCAGTGCAGATGCTTCTTGGGACTGACTTGGGT 2940
DB 2881 CGTACTCTTCTATGTTTAAACATCCAGTGCAGATGCTTCTTGGGACTGACTTGGGT 2940
QY 2941 TAGGCCCCATGAAATGTTGTGCGCTCTCGAAAGTGTCAATGCTGTATTCATTAATGT 3000
DB 2941 TAGGCCCCATGAAATGTTGTGCGCTCTCGAAAGTGTCAATGCTGTATTCATTAATGT 3000
QY 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTATGTTTGTGGAATGCTGTGTTTCTTATAGCATTTGCA 3060
DB 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTTATGTTTGTGGAATGCTGTGTTTCTTATAGCATTTGCA 3060
QY 3061 TGGTATGCTTGTGCTATGATTTTGGCTCGAAATACATTTGCAAGACATTTTCCC 3120
DB 3061 TGGTATGCTTGTGCTATGATTTTGGCTCGAAATACATTTGCAAGACATTTTCCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGCAAGCAAGGCTTATAGAAATGAAGAAAGCGCTTGGCTGTGGGACAC 3180
DB 3121 TTTTGAAGCAAGCAAGGCTTATAGAAATGAAGAAAGCGCTTGGCTGTGGGACAC 3180
QY 3181 GGTGATGTTTGTCCCGTGTGTGGCGCTCTGGGCACTTGTTTTTCGAGAGGTGCTAT 3240
DB 3181 GGTGATGTTTGTCCCGTGTGTGGCGCTCTGGGCACTTGTTTTTCGAGAGGTGCTAT 3240
QY 3241 GCCGCAAGATGGGTGGGCAATTAACGCACTTTTAAGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
DB 3241 GCCGCAAGATGGGTGGGCAATTAACGCACTTTTAAGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
QY 3301 CAGCTGTCAAGCATGCGATGCTATGACTGTATAGACCCCGCACTTGAAGCTGCAAC 3360

Db 3301 CAGCGTGCAGGAGATGGCATGTGCTATGACTGTATAGACCCCGGAATCTTGACATGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACAAGTGT 3420
Qy 3421 GATATCTGCTCAGATGGGAGAGAGGGGGGGGGGGTGGCTCATCCACAGGGCTTATACA 3480
Db 3421 GATATCTGCTCAGATGGGAGAGAGGGGGGGGGGGTGGCTCATCCACAGGGCTTATACA 3480
Qy 3481 CCCAATTAACGTTGACGCGGCTTAATGACAGGACATCTATCAACACACATGTGTGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACGTTGACGCGGCTTAATGACAGGACATCTATCAACACACATGTGTGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTACACAGATGGGGTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTCGGTGCTCTTGGCGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTACACAGATGGGGTTC 3600
Qy 3601 AATTGTTAGGTCACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGGGGGCGCTTCCCAT 3660
Db 3601 AATTGTTAGGTCACAAATCCGATGACCTTATTTGGTGTGTGGGGGCGCTTCCCAT 3660
Qy 3661 GCGTGTGCGCAAGGTTCTTCAAGTGTGCCCCGATTTCTGTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Db 3661 GCGTGTGCGCAAGGTTCTTCAAGTGTGCCCCGATTTCTGTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Qy 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGGTTCACTGCTCAGATTTAGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGCTGCTAGAAATTTCTGGCGGTTCACTGCTCAGATTTAGGTTAGCCGTT 3780
Qy 3781 GGTGTGTGCTGATACATATCCCAAGTACACAGACATGSCACTTTGATACAAATCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGCTGATACATATCCCAAGTACACAGACATGSCACTTTGATACAAATCTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAACGATATTCACTGCAAAATTTAAATTTGCCCCCACTGGGAGCGGACGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGATATTCACTGCAAAATTTAAATTTGCCCCCACTGGGAGCGGACGTCAAC 3900
Qy 3901 CAAATTAACCACTTTCTTACATGACAGAGAAATGTAGGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTAACCACTTTCTTACATGACAGAGAAATGTAGGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGTATAACAGATTCATATGCCAAATGTAACATGACCGGAGATACGGGTGAATCCAAATGG 4020
Db 3961 GGTATAACAGATTCATATGCCAAATGTAACATGACCGGAGATACGGGTGAATCCAAATGG 4020
Qy 4021 CTAATTTAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
Db 4021 CTAATTTAATGGCAATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
Qy 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCGCGAACTATGTATCATTTTGTAGCAATGCCATGC 4140
Db 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCGCGAACTATGTATCATTTTGTAGCAATGCCATGC 4140
Qy 4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGGCAATGGAAAGTCTTAAACGAGCTCCATCCAAAAA 4200
Db 4141 TACCGATGCAACACCGGTGTGGGCAATGGAAAGTCTTAAACGAGCTCCATCCAAAAA 4200
Qy 4201 TGTTAAGCTAGTGTCTTGGCCAGGCTACCCCTTGGAGTATCCCTTACACCATGC 4260
Db 4201 TGTTAAGCTAGTGTCTTGGCCAGGCTACCCCTTGGAGTATCCCTTACACCATGC 4260
Qy 4261 CAACTATTAAGATTCATTTAAACGATGAGGCACTATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACTATTAAGATTCATTTAAACGATGAGGCACTATCCCTTTCATGAAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGGAAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTAACCAAAAACATCG 4380
Db 4321 TAAAGAGGAAAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTAGGCTAACCAAAAACATCG 4380
Qy 4381 TGAATGAGCTTGTACGAGATTAGCTGAAGAGGAATTAACAGTGTCTTACTATAGGGG 4440
Db 4381 TGAATGAGCTTGTACGAGATTAGCTGAAGAGGAATTAACAGTGTCTTACTATAGGGG 4440

Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGACGTGTAGATGTTGGCACTGATGCCCTTGG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGACGTGTAGATGTTGGCACTGATGCCCTTGG 4500
Qy 4501 TACAGGGTACACTGTGTGACTTTGATTCGATGTATGACTGACGCTCATGTAGAAAGCAC 4560
Db 4501 TACAGGGTACACTGTGTGACTTTGATTCGATGTATGACTGACGCTCATGTAGAAAGCAC 4560
Qy 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTATCTTCAACCATGGGTGTGTGTGTGGGGGTTTACAC 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTATCTTCAACCATGGGTGTGTGTGTGGGGGTTTACAC 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCGGATGAGGGGCGGACAGGCGCGTGGAGAGGCTGGCATATACACTA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCGGATGAGGGGCGGACAGGCGCGTGGAGAGGCTGGCATATACACTA 4680
Qy 4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTCCGGTATGTGTTCTGATATGCAATTTGTTAAACCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGAGTTGTACCCCTTCCGGTATGTGTTCTGATATGCAATTTGTTAAACCTT 4740
Qy 4741 CGACCGACCGCAAGGCTATGTGTTGTATCAACAGAACTCAAACTATTCTGGACAC 4800
Db 4741 CGACCGACCGCAAGGCTATGTGTTGTATCAACAGAACTCAAACTATTCTGGACAC 4800
Qy 4801 CTATGSCACCCCAACCTGGGTTACCTGCGATAGGTTCTGATATGCAATTTGTTAAACCTT 4860
Db 4801 CTATGSCACCCCAACCTGGGTTACCTGCGATAGGTTCTGATATGCAATTTGTTAAACCTT 4860
Qy 4861 CTTTCTATGTGTCAACCCCGGAACCTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGTGTCAACCCCGGAACCTTCAATTTGTCAATCTGCAAAAAGAACTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTAATGTTTGTGACTGACGCCCACTACACTGTGTCTACGTAATGCTTATGCTGTCC 4980
Db 4921 TTAATGTTTGTGACTGACGCCCACTACACTGTGTCTACGTAATGCTTATGCTGTCC 4980
Qy 4981 CAATGACGACCAAGGTGGGAGGGGAGCGCGCTTGGAAAAAAACCTGTGGGGTCTGTG 5040
Db 4981 CAATGACGACCAAGGTGGGAGGGGAGCGCGCTTGGAAAAAAACCTGTGGGGTCTGTG 5040
Qy 5041 GCGTGTGACGCGGCTGACGCGCTGTCTGGGCCAGAGCCGACGAGGTGACCAAGATACA 5100
Db 5041 GCGTGTGACGCGGCTGACGCGCTGTCTGGGCCAGAGCCGACGAGGTGACCAAGATACA 5100
Qy 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATATCTTGGGACAGCGGCACTCGCTGTGGGGTGGAGT 5160
Db 5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATATCTTGGGACAGCGGCACTCGCTGTGGGGTGGAGT 5160
Qy 5161 GGTATAGGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGCGCACTTGTGTGGCGGCTTGTGCTGTC 5220
Db 5161 GGTATAGGCTTATCTAGCCATTTGACACTTTTGGCGCACTTGTGTGGCGGCTTGTGCTGTC 5220
Qy 5221 TATTCATATGATCCCTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGTGTGTGAGAAAGAAATCGT 5280
Db 5221 TATTCATATGATCCCTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGTGTGTGAGAAAGAAATCGT 5280
Qy 5281 GGAGGAGTGTGCATCATTTCTCTTGGAGGCAATGTGTGCTGCAATGATGACTGAA 5340
Db 5281 GGAGGAGTGTGCATCATTTCTCTTGGAGGCAATGTGTGCTGCAATGATGACTGAA 5340
Qy 5341 GAGTACAAACACACAACTAGTCTTGTGACATTTGGAAACCGGCTTGGAAAACTTAAAC 5400
Db 5341 GAGTACAAACACACAACTAGTCTTGTGACATTTGGAAACCGGCTTGGAAAACTTAAAC 5400
Qy 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGATACATCTTGTCTATCATAGAGTATGTGCTGTGTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCTCATGACGATACATCTTGTCTATCATAGAGTATGTGCTGTGTAGT 5460
Qy 5461 CACTTTAAGCTGACAAATCCCTTGTGACATGCGGTGTGTGCTTCAATGCGGATATTAAC 5520
Db 5461 CACTTTAAGCTGACAAATCCCTTGTGACATGCGGTGTGTGCTTCAATGCGGATATTAAC 5520

QY 5521 CCCACTACTCTCACAGATCAAAATGTTCTGTCTATTATTGAGGCGCAATTGCGTCAA 5580
Db 5521 CCCACTACTCTCACAGATCAAAATGTTCTGTCTATTATTGAGGCGCAATTGCGTCAA 5580
QY 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTCAATGAGCGCGGCGTGGGAAACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTCAATGAGCGCGGCGTGGGAAACAGCTCT 5640
QY 5641 TGGTACATGAGACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACATGAGCGGTATGCTGCCGCTC 5700
Db 5641 TGGTACATGAGACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACATGAGCGGTATGCTGCCGCTC 5700
QY 5701 ATCCACTGCTTGTCTTACATTTAATGCTTATGAGGTGAGCCCACTATGAGTACGT 5760
Db 5701 ATCCACTGCTTGTCTTACATTTAATGCTTATGAGGTGAGCCCACTATGAGTACGT 5760
QY 5761 TGTGCTTATGCTATCCGCGGTTCAATCGCGCGGAGAGATGAGGCGTCTTGTCAAC 5820
Db 5761 TGTGCTTATGCTATCCGCGGTTCAATCGCGCGGAGAGATGAGGCGTCTTGTCAAC 5820
QY 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAAACAGAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGCTTTAC 5880
Db 5821 TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAAACAGAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGCTTTAC 5880
QY 5881 TATGCTTGTAGAGACAACTGTATGTATGATGATCTTTATTTGCCACTGTGACATCCG 5940
Db 5881 TATGCTTGTAGAGACAACTGTATGTATGATGATCTTTATTTGCCACTGTGACATCCG 5940
QY 5941 CAGGAAGATACCTGGGATCTGAGAGCATCTACCCCTGGAGTGTCAATACGCTTGAT 6000
Db 5941 CAGGAAGATACCTGGGATCTGAGAGCATCTACCCCTGGAGTGTCAATACGCTTGAT 6000
QY 5941 CAGGAAGATACCTGGGATCTGAGAGCATCTACCCCTGGAGTGTCAATACGCTTGAT 6000
Db 5941 CAGGAAGATACCTGGGATCTGAGAGCATCTACCCCTGGAGTGTCAATACGCTTGAT 6000
QY 6001 CCGTTGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTGGGCTGTAGAT 6060
Db 6001 CCGTTGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATGCGGCTCATTTGCTGGGCTGTAGAT 6060
QY 6061 TTGGCAGATATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCAGATATGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCAGTGTATCATTTCTGCTGTGCTTCTTACAGCTGCGGAGAGGCTTACAAAGGCCC 6180
Db 6121 GAGCAGTGTATCATTTCTGCTGTGCTTCTTACAGCTGCGGAGAGGCTTACAAAGGCCC 6180
QY 6181 CTGATTTGATGATGATGCTTCAAGCAAGCTGTGCTGATGCTGATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATTTGATGATGATGCTTCAAGCAAGCTGTGCTGATGCTGATCTTTTC 6240
QY 6241 TGTGAGAAATGTTTGCAGAACTTTTACAAAGGAGCCAGAACTTGTTCMAATTACTGAG 6300
Db 6241 TGTGAGAAATGTTTGCAGAACTTTTACAAAGGAGCCAGAACTTGTTCMAATTACTGAG 6300
QY 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAAGCTTAAAGCTGTGTGCTGATGACCGGACCCCACTGATTTG 6360
Db 6301 AGGGGCTGTTCAGTCAAGCTTAAAGCTGTGTGCTGATGACCGGACCCCACTGATTTG 6360
QY 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGAGGCTTAAAGCTTAAATGAGAAATGAGAGA 6420
Db 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTTATGAGGCTTAAAGCTTAAATGAGAAATGAGAGA 6420
QY 6421 TCACATTTTGTGTTACAGAGATCTCTTCAAAATGTGTGTTTCAACCCAGGTGCCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTGTTACAGAGATCTCTTCAAAATGTGTGTTTCAACCCAGGTGCCCAAC 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGAGAGGCGGTGAGAGGCTTACAGTTTATCTTAAAGTGAAGCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGAGAGGCGGTGAGAGGCTTACAGTTTATCTTAAAGTGAAGCCAA 6540
QY 6541 AACTCTTGTGAGACATCTGCTTGTGCTTAAAGCTTAAAGCTTAAATGAGAGA 6600
Db 6541 AACTCTTGTGAGACATCTGCTTGTGCTTAAAGCTTAAAGCTTAAATGAGAGA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCGCTTGAAGGCTCACACACTGCTGTGCGCATGCAACTTAAATTTGCTGTA 6660

Db 6601 GCTTCCCTTCCGCTTGAAGGCTCACACACTGCTGTGCGCATGCAACTTAAATTTGCTGTA 6660
QY 6661 TGCACCTGAGCAAAATGATCTGTAATTTCCCAAAACAACTCTTACGATGAGAGCCGACT 6720
Db 6661 TGCACCTGAGCAAAATGATCTGTAATTTCCCAAAACAACTCTTACGATGAGAGCCGACT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTTGTTCAAACAGAGGTGCGGCTTCAAAACCAATTTCTTGAAGCAATTTTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTTCAAACAGAGGTGCGGCTTCAAAACCAATTTCTTGAAGCAATTTTC 6780
QY 6781 AGCTGCGTTGACACCAACCACTGCGAGCCCTCTCATGAAAGATGAGTGAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGCGTTGACACCAACCACTGCGAGCCCTCTCATGAAAGATGAGTGAAGAA 6840
QY 6841 GCGCAGTTCGCGGCAAGAACTGTGCTTACCTTGTCTTCCCTCCGAGATCCGTCCTC 6900
Db 6841 GCGCAGTTCGCGGCAAGAACTGTGCTTACCTTGTCTTCCCTCCGAGATCCGTCCTC 6900
QY 6901 AGGAGTGTATGCTCTGAAAGCTGCAACGAAGTGAACCGTTAAGAAAGTCTTCAAACT 6960
Db 6901 AGGAGTGTATGCTCTGAAAGCTGCAACGAAGTGAACCGTTAAGAAAGTCTTCAAACT 6960
QY 6961 CCTTCTTACCACTGTTCTTACAGTGTGCGCATGCGGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
Db 6961 CCTTCTTACCACTGTTCTTACAGTGTGCGCATGCGGATGCCCTGTTGGAGCGGCTGA 7020
QY 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7080
Db 7021 GTGTAACTCTTCACTGCAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7080
QY 7081 TTTTACCAGTTTACCTTCCCAAAAGAGGTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7140
Db 7081 TTTTACCAGTTTACCTTCCCAAAAGAGGTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7140
QY 7141 GAGTACAAACCGTTTCCAGCTTACGTTTACGCTTACGCTTACGCTTACGCTTACGCTTAC 7200
Db 7141 GAGTACAAACCGTTTCCAGCTTACGTTTACGCTTACGCTTACGCTTACGCTTACGCTTAC 7200
QY 7201 TTTCACTAGTACGCTTCCCAAAAGAGGTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7260
Db 7201 TTTCACTAGTACGCTTCCCAAAAGAGGTCTCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7260
QY 7261 TTTGCTGAGCAATGAGCTTACCTGAGCAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7320
Db 7261 TTTGCTGAGCAATGAGCTTACCTGAGCAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7320
QY 7321 TCTGTCTGCAACTGCGGCTCATCTAGTGTGTTCTTCAAAAGATGATGATGATGATGAT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCAACTGCGGCTCATCTAGTGTGTTCTTCAAAAGATGATGATGATGATGATGAT 7380
QY 7381 GACTGAGCGGCGGATGAGGAGCTTAAAGAAACCAAAAGTCACTATTAATGACAACTCT 7440
Db 7381 GACTGAGCGGCGGATGAGGAGCTTAAAGAAACCAAAAGTCACTATTAATGACAACTCT 7440
QY 7441 GTTCCCTCCATCATTCACAAAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7500
Db 7441 GTTCCCTCCATCATTCACAAAGCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7500
QY 7501 CCGTGTCTATGTGAGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
Db 7501 CCGTGTCTATGTGAGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7560
QY 7561 CCAATCATCTGCGCTTGGGCGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7620
Db 7561 CCAATCATCTGCGCTTGGGCGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 7620
QY 7621 GGAATTGCAAGAGTGTGAGAGGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGT 7680
Db 7621 GGAATTGCAAGAGTGTGAGAGGAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGTGAAGT 7680
QY 7681 AGTTCCAAAGAGAGGCTTCTGTAAGACCCCGAGAAACCAAAAGAAACCCCGAAG 7740

Db 7681 AGTTCAAAGGAGAGGTCTTGTAAGACCCCCAGAAACCAAGAAACCCCAAG 7740
Qy 7741 GCTTATCTGTACCCCCACCTTGAAATGAGATGTTGGAAGATGATACAGGTCAAGT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTACCCCCACCTTGAAATGAGATGTTGGAAGATGATACAGGTCAAGT 7800
Qy 7801 TGCCTGTGACGTAAAGCTGTCAATGGAGATGGTACGGGTTTGTGATCCAGTAC 7860
Db 7801 TGCCTGTGACGTAAAGCTGTCAATGGAGATGGTACGGGTTTGTGATCCAGTAC 7860
Qy 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGATGTGTACCCGATGCAATCGAGCCCAATGCGATAC 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTGTGATGTGTACCCGATGCAATCGAGCCCAATGCGATAC 7920
Qy 7921 AGTGTGTTTTGACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTAC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTTGACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTAC 7980
Qy 7981 AGCAGCTAACTCAGAGACCAACACCGAGCTGGCATTACACCATTTGCGAGGAGTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTAACTCAGAGACCAACACCGAGCTGGCATTACACCATTTGCGAGGAGTTATA 8040
Qy 8041 CCGTGTGAGAGCGAGTATGCTTATGATGATGCGAGAGATCGATATCTAGGTGTAGTTC 8100
Db 8041 CCGTGTGAGAGCGAGTATGCTTATGATGATGCGAGAGATCGATATCTAGGTGTAGTTC 8100
Qy 8101 TTCCGGCGTCTATCTACTCACTCAAGTTCCAAAGTTGACCTGTGCTGAGTAAATTC 8160
Db 8101 TTCCGGCGTCTATCTACTCACTCAAGTTCCAAAGTTGACCTGTGCTGAGTAAATTC 8160
Qy 8161 TCGAGCGCAACAGCGCTGAGATGAAGAACCTGCTCTTATTTGCGAGGATGATTCAC 8220
Db 8161 TCGAGCGCAACAGCGCTGAGATGAAGAACCTGCTCTTATTTGCGAGGATGATTCAC 8220
Qy 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGAGCAGATGACAGCAAAAGCAAGATGCTCTTTGCTAG 8280
Db 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGAGCAGATGACAGCAAAAGCAAGATGCTCTTTGCTAG 8280
Qy 8281 CTGAGTGAAGGTGATGGGTGACACCAAGATGTGTGCTCAACCCAAATACATTTTGA 8340
Db 8281 CTGAGTGAAGGTGATGGGTGACACCAAGATGTGTGCTCAACCCAAATACATTTTGA 8340
Qy 8341 AGAATTAACATATGCTCAATCAAAATGTTACCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCTTA 8400
Db 8341 AGAATTAACATATGCTCAATCAAAATGTTACCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCTTA 8400
Qy 8401 CTACCTTTCTTACAAAGATCTCTGATCCCTTGGCAGGTGCTGCGAGGGTCTGAG 8460
Db 8401 CTACCTTTCTTACAAAGATCTCTGATCCCTTGGCAGGTGCTGCGAGGGTCTGAG 8460
Qy 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGATGAGTGGTATCTAATACATCACTACCATGTTTGTGGT 8520
Db 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGATGAGTGGTATCTAATACATCACTACCATGTTTGTGGT 8520
Qy 8521 TAGCCGTGTGCTGCTGATCAATTTGAGAGCAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCCA 8580
Db 8521 TAGCCGTGTGTGCTGCTGATCAATTTGAGAGCAGATGCTTTGAGAGCAAACTTCCCA 8580
Qy 8581 GACGGTGAACCTTGAATGATGGGAAATTAATGAGTGTGCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Db 8581 GACGGTGAACCTTGAATGATGGGAAATTAATGAGTGTGCTGAGAAATCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGTATGAGGCTTTCTCGGTGTGCTGCTACCAACCTGA 8700
Db 8641 CATCATTTGCTGTGTGACAGGTATGAGGCTTTCTCGGTGTGCTGCTACCAACCTGA 8700
Qy 8701 GATTCCTAGGTTTCCCAATCACTAACAAGACATGACATGCCCCCTGGAAGCTGGCG 8760
Db 8701 GATTCCTAGGTTTCCCAATCACTAACAAGACATGACATGCCCCCTGGAAGCTGGCG 8760
Qy 8761 AAGAGAAAGCGAGCGGTCTCTGCGCAGCGCAAGAGCGGTGTGCGAGCAACCAAAAT 8820
Db 8761 AAGAGAAAGCGAGCGGTCTCTGCGCAGCGCAAGAGCGGTGTGCGAGCAACCAAAAT 8820

Qy 8821 GGCCTGCTTCTCTCTGAGATGCTACATCTAGACCTTACACGATTTGGATTAAGACGAG 8880
Db 8821 GGCCTGCTTCTCTCTGAGATGCTACATCTAGACCTTACACGATTTGGATTAAGACGAG 8880
Qy 8881 CGTGGCTCGATACACACTTTCAATTAATGTGATGTTTATCTCCCGAGGAGGAGTGT 8940
Db 8881 CGTGGCTCGATACACACTTTCAATTAATGTGATGTTTATCTCCCGAGGAGGAGTGT 8940
Qy 8941 TATTACACCAAGAGAAATGACAGATTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTCAATGTTT 9000
Db 8941 TATTACACCAAGAGAAATGACAGATTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTCAATGTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTAGGGCTCATGTGCTGATTTAGCCATGACGTGAACCCCAATTCAAATTA 9060
Db 9001 TGCCCTAGGGCTCATGTGCTGATTTAGCCATGACGTGAACCCCAATTCAAATTA 9060
Qy 9061 CTACAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGCGGCAACAGGGAGACCC 9116
Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAGGGCAGCGCAACAGGGAGACCC 9120
Qy 9117 GGGCTTAACGACCCCGC 9133
Db 9121 GGGCTTAACGACCCCGC 9137

RESULT 6
US-08-467-344A-390
; Sequence 390, Application US/08467344A
; Patent No. 6586568
; GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: JOHN N. SIMONS
TAMI J. PILOT-MATIAS
GEORGE J. DAMSON
GEORGE G. SCHLAUDER
SURESH M. DESAI
THOMAS P. LEARY
ANTHONY SCOTT MUEHRHOF
JAMES C. ERKER
SHERI L. BUIK
ISA K. MUSHAMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60664-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/467,344A
FILING DATE: 07-Jun-1995
CLASSIFICATION: <Unknown>
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/424,550
FILING DATE: <Unknown>
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: POREMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs

TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:
US-08-467-344A-390

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

```
QY 1 ACCACAAACATCCAGTTTGTTCACCTCCGTAGAGATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
Db 1 ACCACAAACATCCAGTTTGTTCACCTCCGTAGAGATGCTCTGAGACACCCCTTAG 60
QY 61 CAGGGCGTGGGGATTTCCCTGCCGCTGAGAGAGGGGTGAGGCAACCACTTAGAT 120
Db 61 CAGGGCGTGGGGATTTCCCTGCCGCTGAGAGAGGGGTGAGGCAACCACTTAGAT 120
QY 121 GTAGGCGGGGAGCTCATGACGCTCGCGTATGACAGAGGCCCAAGCTTGATGGATG 180
Db 121 GTAGGCGGGGAGCTCATGACGCTCGCGTATGACAGAGGCCCAAGCTTGATGGATG 180
QY 181 CTTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCTGGTGGTGGCGCTTTAGGCAAGCTTCACGCCACA 240
Db 181 CTTGATGGGCGTTCAATGGGTTGCTGGTGGTGGCGCTTTAGGCAAGCTTCACGCCACA 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGGGGGGCGCATGTAGGGAGAGACGGGGACCGGCTCATCCAGAGAG 300
Db 241 CCTCCAGATAGAGGGGGGCGCATGTAGGGAGAGACCGGGACCGGCTCATCCAGAGAG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGGATATCACGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGGATATCACGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
QY 361 TGGGATGGTGGGGTTAGGCTATCAATCCGTAATGCTCTGATAGGGTCTTTGGAGGGAT 420
Db 361 TGGGATGGTGGGGTTAGGCTATCAATCCGTAATGCTCTGATAGGGTCTTTGGAGGGAT 420
QY 421 CTGGAGTCTGTAGACCGGTAGACATGCTGTTATTTCTACTCAAAAGATCCGTATAC 480
Db 421 CTGGAGTCTGTAGACCGGTAGACATGCTGTTATTTCTACTCAAAAGATCCGTATAC 480
QY 481 TGCGCCCAAGACGCGCAAGAACAGACAGACGAGCTTCATATCTGTGTCCATTAAAC 540
Db 481 TGCGCCCAAGACGCGCAAGAACAGACAGACGAGCTTCATATCTGTGTCCATTAAAC 540
QY 541 ATCTGTTAAAGGGGACAAAGCAAGCGCAAGGCGATGCTGAGGCTCGCTGTAA 600
Db 541 ATCTGTTAAAGGGGACAAAGCAAGCGCAAGGCGATGCTGAGGCTCGCTGTAA 600
QY 601 TTACAAATATGCTGTATCCATGATGCTGAGCATTTGCTGAGGCTGCTTGGCCAGC 660
Db 601 TTACAAATATGCTGTATCCATGATGCTGAGCATTTGCTGAGGCTGCTTGGCCAGC 660
QY 661 TCATGTTGGGAGCCCAAGACCTCGCCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTTCTGGA 720
Db 661 TCATGTTGGGAGCCCAAGACCTCGCCATTAAGTCTGCAATCTTGGAAATCTTTCTGGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGATGTTAACTGACACCTCTAGTAGGCGCGCTGGT 780
Db 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGATGTTAACTGACACCTCTAGTAGGCGCGCTGGT 780
QY 781 GGCAGAGACCGGTGCTTGCACAGTGTGCAGATAGTACGCTTGTGAGAGATGAGTAA 840
Db 781 GGCAGAGACCGGTGCTTGCACAGTGTGCAGATAGTACGCTTGTGAGAGATGAGTAA 840
QY 841 CTGGGCTACTGGTGGTCCGATGTCACCTTTTGGATGTCGATCTTTGGGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGGTGGTCCGATGTCACCTTTTGGATGTCGATCTTTGGGCTG 900
QY 901 TCCCTGTAGTGGGGCGGGGTCACTGACCAAGACAAATACCAATCTGACCAATTTG 960
Db 901 TCCCTGTAGTGGGGCGGGGTCACTGACCAAGACAAATACCAATCTGACCAATTTG 960
```

```
Db 901 TCCCTGTAGTGGGGCGGGGTCACTGACCAAGACAAATACCAATCTGACCAATTTG 960
QY 961 CTGGCAGGTAATCAGTTATCTATGTTTCCCTCCACTGGCCATACAGACCTGGTTG 1020
Db 961 CTGGCAGGTAATCAGTTATCTATGTTTCCCTCCACTGGCCATACAGACCTGGTTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGTTCGCCCAATCCGTACATCTCACACCTTCGAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGGACGAGTGTGGTTCGCCCAATCCGTACATCTCACACCTTCGAA 1080
QY 1081 TTGATCTGGACAGACTCTTCTTGGCTGACCACTTGATTTTGTATGGGCGCTTGT 1140
Db 1081 TTGATCTGGACAGACTCTTCTTGGCTGACCACTTGATTTTGTATGGGCGCTTGT 1140
QY 1141 GACCTGTAGCGCCCTTGACATTTGTGATGTTGTGTGCGTGTATAGTGTGGTACG 1200
Db 1141 GACCTGTAGCGCCCTTGACATTTGTGATGTTGTGTGCGTGTATAGTGTGGTACG 1200
QY 1201 GCTTGTCAAGGACCTGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGGTACTTGTACCTGGA 1260
Db 1201 GCTTGTCAAGGACCTGCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGGTACTTGTACCTGGA 1260
QY 1261 AGTGCCCACTGGAATATGATCTGGGTTCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCGGAAGGT 1320
Db 1261 AGTGCCCACTGGAATATGATCTGGGTTCTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCGGAAGGT 1320
QY 1321 CGAGGCTGTCAATCTTCTTGAACCAACTGGCTTCAACATACATAGGCTATTCGACATAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTCAATCTTCTTGAACCAACTGGCTTCAACATACATAGGCTATTCGACATAT 1380
QY 1381 GTTTAGCAGTGTACATCACTGCGGTTGGGCTCTGATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
Db 1381 GTTTAGCAGTGTACATCACTGCGGTTGGGCTCTGATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
QY 1441 GTGATATCATGTTGCTCTAGCGCTTATATCTTATACATAGAGGACCTTGGAACTTAT 1500
Db 1441 GTGATATCATGTTGCTCTAGCGCTTATATCTTATACATAGAGGACCTTGGAACTTAT 1500
QY 1501 CAGGGTCCCACTGGAATCTCAATAGGATTTTGTGCTTGTGATGATACATATGCC 1560
Db 1501 CAGGGTCCCACTGGAATCTCAATAGGATTTTGTGCTTGTGATGATACATATGCC 1560
QY 1561 TTGCCACTCTTATTTGATGAGAAATGTGTGAGAAATCTTTGTTACATGTCAAATGTGAC 1620
Db 1561 TTGCCACTCTTATTTGATGAGAAATGTGTGAGAAATCTTTGTTACATGTCAAATGTGAC 1620
QY 1621 CAGGCTATCACTCTAGATTAACAACACTCAATCTTGTATACCCCTATATCAATCTCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTCTAGATTAACAACACTCAATCTTGTATACCCCTATATCAATCTCTGG 1680
QY 1681 TGGAGGGGAGTATGTTAATTCAAAATTAACAATAGGGGTTGCTGCGGATTCGCA 1740
Db 1681 TGGAGGGGAGTATGTTAATTCAAAATTAACAATAGGGGTTGCTGCGGATTCGCA 1740
QY 1741 TGTCCATATCTGATGCACTATAGGACATGATGCAATGTGAAAGCACTCGCAACATTTA 1800
Db 1741 TGTCCATATCTGATGCACTATAGGACATGATGCAATGTGAAAGCACTCGCAACATTTA 1800
QY 1801 CGAAGCATATGCTGTAAACCATGCTTAAACCGCAATGCGCAACCGGCTGAGCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGCATATGCTGTAAACCATGCTTAAACCGCAATGCGCAACCGGCTGAGCCTGAA 1860
QY 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAACTCAATATTTGAGATTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCCTGGGCTTAAAGAAATGTTTAACTCAATATTTGAGATTC 1920
QY 1921 AGGCAATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGAA 1980
Db 1921 AGGCAATTTGATTTTGAAGGATCAGATACCCCTATAGTTACTTTATGACCCCTGAA 1980
QY 1981 TTCCACTCTCTTACACCGAGAGAGGTGAGTTGCGCGGTACCCCACTGTGTGACG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTTACACCGAGAGAGGTGAGTTGCGCGGTACCCCACTGTGTGACG 2040
```

QY 2041 TGGTCTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTGAATGAAAGACCTAGCCACAGG 2100
Db 2041 TGGTCTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTGAATGAAAGACCTAGCCACAGG 2100
QY 2101 ATTGATCAACCAAGACCAAGCTGGAATAATATGAGTCTTATATTCGCCACAGGGTGC 2160
Db 2101 ATTGATCAACCAAGACCAAGCTGGAATAATATGAGTCTTATATTCGCCACAGGGTGC 2160
QY 2161 TTTGTCTCTTACGGAGATTACCAACAGGCCGTGGTCTAATTCTGTTGGGGTTGTGAG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGGAGATTACCAACAGGCCGTGGTCTAATTCTGTTGGGGTTGTGAG 2220
QY 2221 CAGCAAGTATCTAATTTTACCTACCTCTGTTACTTGTCCCTTGGTTTGGGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTAATTTTACCTACCTCTGTTACTTGTCCCTTGGTTTGGGGCGGCTTC 2280
QY 2281 TGGTACCTCTTGGCGCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGCGTGGAGATGT 2340
Db 2281 TGGTACCTCTTGGCGCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGCGTGGAGATGT 2340
QY 2341 TTTGTCTAAGCTCAAGTACCTCTTGTGCTTGTATTTTCTTCACTGTCTATCTCCG 2400
Db 2341 TTTGTCTAAGCTCAAGTACCTCTTGTGCTTGTATTTTCTTCACTGTCTATCTCCG 2400
QY 2401 CTGCAAGGCTACGTATGCTGCTCTTTTAAAGGTTTGTGCCATGCGTGGCGGCTTGCCT 2460
Db 2401 CTGCAAGGCTACGTATGCTGCTCTTTTAAAGGTTTGTGCCATGCGTGGCGGCTTGCCT 2460
QY 2461 AACTTCTTGTGTGACAGAGCTGTGCTCCCAACAGATATATGACTGGTGGGCGAGTGTCT 2520
Db 2461 AACTTCTTGTGTGACAGAGCTGTGCTCCCAACAGATATATGACTGGTGGGCGAGTGTCT 2520
QY 2521 AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGGGCCGCGCCGTAAACCGTGTCAACCGATAGCTTGTGTGT 2580
Db 2521 AGTGGCAGGGTTAGTTTGTGGGCCGCGCCGTAAACCGTGTCAACCGATAGCTTGTGTGT 2580
QY 2581 AGGTCTTGGGCTCTGTGAGCGCTTTTAAACCTCTTGCATTTGTGTAAACCGCTGTCAAC 2640
Db 2581 AGGTCTTGGGCTCTGTGAGCGCTTTTAAACCTCTTGCATTTGTGTAAACCGCTGTGTCAAC 2640
QY 2641 TTTTGAATCCAGATATATGAGAGGCTGACATATCAACCTGTATGATGATTTGTTCAT 2700
Db 2641 TTTTGAATCCAGATATATGAGAGGCTGACATATCAACCTGTATGATGATTTGTTCAT 2700
QY 2701 GTCTCGTTTGGCTTCTTGTCTCACTGTGTTAACCCTGTGCTTGTATTAACCTATCT 2760
Db 2701 GTCTCGTTTGGCTTCTTGTCTCACTGTGTTAACCCTGTGCTTGTATTAACCTATCT 2760
QY 2761 TTGGCAACGTGGGAGATTTGTTTGGAAACGTTAACATTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAACGTGGGAGATTTGTTTGGAAACGTTAACATTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGGTGGTGTGTGTTCCCGGGTGCACATATGACAGCTGTGTACTTTCTGTGTGTCTA 2880
Db 2821 TGGTGGTGTGTGTTCCCGGGTGCACATATGACAGCTGTGTACTTTCTGTGTGTCTA 2880
QY 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAACATCAAGTGCAGCATGTTCTTTGGGCTGACTCTAGGG 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAACATCAAGTGCAGCATGTTCTTTGGGCTGACTCTAGGG 2940
QY 2941 TAGGGCCCATAGATGTGTGTGCTCGGAAAGTGTCAATGCTTGTGTTCTATTAATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCATAGATGTGTGTGCTCGGAAAGTGTCAATGCTTGTGTTCTATTAATGT 3000
QY 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGTTTGTGTTGTTGTTGTTTCTTATTAAGCACTTGTCA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGTTTGTGTTGTTTGTGTTTCTTATTAAGCACTTGTCA 3060
QY 3061 TGGTGAATGCTGTCTGTAATGATTTTGTGCTGAATCACTCAAGAGCACTTTTCCG 3120
Db 3061 TGGTGAATGCTGTCTGTAATGATTTTGTGCTGAATCACTCAAGAGCACTTTTCCG 3120

QY 3121 TTTTGAAGCAAGCGAAGGTTCTATAGGAATGAAGAAAGCGTTTGGCGTGGGGACAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGCAAGCGAAGGTTCTATAGGAATGAAGAAAGCGTTTGGCGTGGGGACAC 3180
QY 3181 GGTATAGTTTGGCCGTTGTGTGGCGCTCTGGGCACTTGTGTTTTCGAGGGTTGGCTAT 3240
Db 3181 GGTATAGTTTGGCCGTTGTGTGGCGCTCTGGGCACTTGTGTTTTCGAGGGTTAGCTAT 3240
QY 3241 GCCGCAGATGGGTTGGGCACTTACCGCACTTTTACGCTGACAGTGTCTCTGAACGTGG 3300
Db 3241 GCCGCAGATGGGTTGGGCACTTACCGCACTTTTACGCTGACAGTGTCTCTGAACGTGG 3300
QY 3301 CACGCTGTACGAGATGGAGTGTCTATGACTGTATAGACCCCGAACTTGTGACTGGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTACGAGATGGAGTGTCTATGACTGTATAGACCCCGAACTTGTGACTGGAAC 3360
QY 3361 TATCTTCAAGATTAAGATCTGTGGCACTAAGTACATGGGATTTGTTTGTGACAAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAAGATTAAGATCTGTGGCACTAAGTACATGGGATTTGTTTGTGACAAAGTGT 3420
QY 3421 GATATCTGTCAACATGGCAGCAAGGGGCGCGTTGGCTCATCCACAGGCTTATATACA 3480
Db 3421 GATATCTGTCAACATGGCAGCAAGGGGCGCGTTGGCTCATCCACAGGCTTATATACA 3480
QY 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAACATGTGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGCGGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAACATGTGAGCTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTACTCGGTCTCTTGGGGGAGACCAAGGGGTTATCTGTATACACGACTGGGGTTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTCGGTCTCTTGGGGGAGACCAAGGGGTTATCTGTATACACGACTGGGGTTC 3600
QY 3601 AATTGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCCCTATATGTGTGTGTGGGGGCCCTTCCAT 3660
Db 3601 AATTGTTAGGTTCAACAAATCCGATGACCCCTATATGTGTGTGTGGGGGCCCTTCCAT 3660
QY 3661 GGCCTGTGGCAAGGGTCTTCAAGTGTGCCCATTTGTGCTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
Db 3661 GGCCTGTGGCAAGGGTCTTCAAGTGTGCCCATTTGTGCTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
QY 3721 GATGTTACCGGCTGTGAGAAATTTGTGGCGGTTCAAGTCAATGATTAAGGTTAGCCGTT 3780
Db 3721 GATGTTACCGGCTGTGAGAAATTTGTGGCGGTTCAAGTCAATGATTAAGGTTAGCCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTGTGTATCCATCCCAAGTACACACATATGACATGCTTGTATTAACAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTGTGTGTATCCATCCCAAGTACACACATATGACATGCTTGTATTAACAAACCTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTAACGAGATATTCAGTGCAAATTTTAAATTTGCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAACGAGATATTCAGTGCAAATTTTAAATTTGCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTTACCACTTCTTACATGACAGAGAAATGATGAGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAAATTTACCACTTCTTACATGACAGAGAAATGATGAGTCTTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGTATCAACAGATCAATATCCCAAGTACATGACAGCGGAGTACGCGGTTAATCCAAATTTG 4020
Db 3961 GGTATCAACAGATCAATATCCCAAGTACATGACAGCGGAGTACGCGGTTAATCCAAATTTG 4020
QY 4021 CTATTTTAATGGAATGTAACCAACACAGGGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGAGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGGAATGTAACCAACACAGGGGCTTCACTTAAGTACAGACATATGAGCAT 4080
QY 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCGGAATATGATGATGATATCTATTTGTGACGAATGCCATGTC 4140
Db 4081 GTACTGACCGGAGCATGTTCGGAATATGATGATGATGATATCTATTTGTGACGAATGCCATGTC 4140
QY 4141 TACCAATGCAACCAACGTTGTGGGCAATGGAAGGCTTCAACCGAAGCTCATTCGAAAAA 4200
Db 4141 TACCAATGCAACCAACGTTGTGGGCAATGGAAGGCTTCAACCGAAGCTCATTCGAAAAA 4200
QY 4201 TGTAGCTAGTGTCTTGTGCAACGGCTACCCGCCGTGAGTAAATCCCTTACACCAATGTC 4260

4201 TGTAGGCTAGTGTCTTCCACGCGTACCCCTCGAGTAATCCCTACGCAATGC 4260
4261 CAACATTAATGAGATTCAATTAACGATGAAGCACTATCCCTTCATGAAAAAGT 4320
4261 CAACATTAATGAGATTCAATTAACGATGAAGCACTATCCCTTCATGAAAAAGT 4320
4321 TAAGAGAAAACTGAGAAAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG 4380
4321 TAAGAGAAAACTGAGAAAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG 4380
4381 TATAGAGCTTGTGTAACGAGTGTGCTGAAAGGAAATACAGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
4381 TATAGAGCTTGTGTAACGAGTGTGCTGAAAGGAAATACAGCTGTCTTACTATAGGGG 4440
4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGACGTGTGATGATGTGCACTGATGCTGTG 4500
4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGACGTGTGATGATGTGCACTGATGCTGTG 4500
4501 TACAGGGTACACTGTGTGACTTTGATTCGCTGTATGACTGACCTCATGTGTAAGAGC 4560
4501 TACAGGGTACACTGTGTGACTTTGATTCGCTGTATGACTGACCTCATGTGTAAGAGC 4560
4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACTTTACCAATGGGTGTGCTGTGTGGGGTTTCAAC 4620
4561 ATGCCATGTGACCTTGAACCTTACTTTACCAATGGGTGTGCTGTGTGGGGTTTCAAC 4620
4621 AATAGTAAAGGCAAGCGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGGCTGATATACTACTA 4680
4621 AATAGTAAAGGCAAGCGTAGGGGCGGACAGGCGGTGGAGAGGCTGATATACTACTA 4680
4681 TGTAGACGGGATGTGACCTTCCGGGTATGCTTCTGATGCAACATTTGTGAGACCTT 4740
4681 TGTAGACGGGATGTGACCTTCCGGGTATGCTTCTGATGCAACATTTGTGAGACCTT 4740
4741 CGAGCAGCGCAAGGATGTGATGTTTGTATCAACAGAGCTCAACTATTTCTGAGAC 4800
4741 CGAGCAGCGCAAGGATGTGATGTTTGTATCAACAGAGCTCAACTATTTCTGAGAC 4800
4801 CTATGCAACCCGAGCTGGGTATCTGCGATGAGAACAAATTTGAGCGAGTGGGCTGACT 4860
4801 CTATGCAACCCGAGCTGGGTATCTGCGATGAGAACAAATTTGAGCGAGTGGGCTGACT 4860
4861 CTTTCTATGTGCAACCCGGAACCTTCAATTTGTCAATACTGCAAAAAAAGACTGTGACA 4920
4861 CTTTCTATGTGCAACCCGGAACCTTCAATTTGTCAATACTGCAAAAAAAGACTGTGACA 4920
4921 TTAATTTTTTGTGACTGACGCCCACTACATGCTGTCAATGAGTATGCTGTCC 4980
4921 TTAATTTTTTGTGACTGACGCCCACTACATGCTGTCAATGAGTATGCTGTCC 4980
4981 CAATAGCCACACGAGGTGGAGGAGCCGCGCTTGGGAAAAAACTTTGGGGTTCTGTG 5040
4981 CAATAGCCACACGAGGTGGAGGAGCCGCGCTTGGGAAAAAACTTTGGGGTTCTGTG 5040
5041 GCGCTTGGAGCGGCTGACGCTGTCTGCGCCAGAGCCAGCGAGTGAACAAGTACCA 5100
5041 GCGCTTGGAGCGGCTGACGCTGTCTGCGCCAGAGCCAGCGAGTGAACAAGTACCA 5100
5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGTGGAGT 5160
5101 AATGTGCTTCACTGAAGTCAATCTTCTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGTGGAGT 5160
5161 GGCATAGCTTATCAGGCACTTGAACCTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCTGTGCTC 5220
5161 GGCATAGCTTATCAGGCACTTGAACCTTTGGGCGCACTTGTGTGGGCTGTGCTC 5220
5221 TATTCATCAGTCCCTTACCGGTCTACTGTGCGCCCAATGTTGACGAAGAATGTGT 5280
5221 TATTCATCAGTCCCTTACCGGTCTACTGTGCGCCCAATGTTGACGAAGAATGTGT 5280
5281 GAGAGAGTGTGATCATTTCTTCTTGGAGGCAATGTTGCTGCAATGAAGTGA 5340
5281 GAGAGAGTGTGATCATTTCTTCTTGGAGGCAATGTTGCTGCAATGAAGTGA 5340

5281 GAGAGAGTGTGATCATTTCTTCTTGGAGGCAATGTTGCTGCAATGAAGTGA 5340
5341 GAGTCAATTAACCAACATAGCTTTCATGTAAGAACCGGCTTGAAGAACTTAAC 5400
5341 GAGTCAATTAACCAACATAGCTTTCATGTAAGAACCGGCTTGAAGAACTTAAC 5400
5401 CTTTCTTGGGCTTACAGGCTACCAATCTTGTCTATAGAGTATGCTGTGTGTAGT 5460
5401 CTTTCTTGGGCTTACAGGCTACCAATCTTGTCTATAGAGTATGCTGTGTGTAGT 5460
5461 CACTTACCTGACATCCCTTGTGATGATGCTGTGCTTCAATGAGTATGCTGTGTAG 5520
5461 CACTTACCTGACATCCCTTGTGATGATGCTGTGCTTCAATGAGTATGCTGTGTAG 5520
5521 CCACTTACCTGACATGATGATGATGCTGTGCTTCAATGAGTATGCTGTGTAG 5580
5521 CCACTTACCTGACATGATGATGATGCTGTGCTTCAATGAGTATGCTGTGTAG 5580
5581 GCTTACAGACGCTAGAGCGGCACTGCGCTTATGATGAGCGGCGGCTGCGGAACAGCTCT 5640
5581 GCTTACAGACGCTAGAGCGGCACTGCGCTTATGATGAGCGGCGGCTGCGGAACAGCTCT 5640
5641 TGTATCATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
5641 TGTATCATGACATCGGTGGGTTTGTCTTGTGACATGCTAGGCGGCTATGCTGCGGCTC 5700
5701 ATCCACTGCTTGTGATTAATGCTTATAGGAGTATGAGGCGGCTATGCTGAGT 5760
5701 ATCCACTGCTTGTGATTAATGCTTATAGGAGTATGAGGCGGCTATGCTGAGT 5760
5761 TGTGTTTATGCTATCTCCGCTTCAATCCGCGGCAAGAGTGTGAGGCGCTTGTGACG 5820
5761 TGTGTTTATGCTATCTCCGCTTCAATCCGCGGCAAGAGTGTGAGGCGCTTGTGACG 5820
5821 TTTGCAATGTTTGTGCTTGAACAACAGAGGCGGCTATGCTGAGGCGGCTTGTGACG 5880
5821 TTTGCAATGTTTGTGCTTGAACAACAGAGGCGGCTATGCTGAGGCGGCTTGTGACG 5880
5881 TATGCTTGTGAGGCAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5940
5881 TATGCTTGTGAGGCAACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 5940
5941 CAGAGAGTACTGGGCAATCTGAGAGGCACTACCCCTGAGTGTATGCTGAGT 6000
5941 CAGAGAGTACTGGGCAATCTGAGAGGCACTACCCCTGAGTGTATGCTGAGT 6000
6001 CCGTTGGCTCAACCCGAGAGGATGATGAGGCTCAATGCTTGGGCTGTAGAT 6060
6001 CCGTTGGCTCAACCCGAGAGGATGATGAGGCTCAATGCTTGGGCTGTAGAT 6060
6061 TTTGAGAGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6061 TTTGAGAGTGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
6121 GAGCATGTTTAACTTCTGAGTGTCTTCTTCTTACAGCTGCGAGAAAGGCTCAAGGCGCC 6180
6121 GAGCATGTTTAACTTCTGAGTGTCTTCTTCTTACAGCTGCGAGAAAGGCTCAAGGCGCC 6180
6181 CTGATTTGATCAGATGATGCTCAAGGACGCTGTCTCAATGCGGTGTGAATCATCTTTTC 6240
6181 CTGATTTGATCAGATGATGCTCAAGGACGCTGTCTCAATGCGGTGTGAATCATCTTTTC 6240
6241 TGTGAGAAATGTTTTCAAAATTTTCAAAAGGACCAAGAACTTGTTCAAATTTCTGAG 6300
6241 TGTGAGAAATGTTTTCAAAATTTTCAAAAGGACCAAGAACTTGTTCAAATTTCTGAG 6300
6301 AGGGGCTGTTTCAAGTCAACGCTAGAGCTGTGTGCTGCTGAGACCGGACCAATGATTTG 6360
6301 AGGGGCTGTTTCAAGTCAACGCTAGAGCTGTGTGCTGCTGAGACCGGACCAATGATTTG 6360
6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGAGGCTTGAAGGCTATGTAATATGAGAAATGGAGA 6420
6361 GACTAGTCTTGTCTCAATTAATGAGGCTTGAAGGCTATGTAATATGAGAAATGGAGA 6420

QY 6421 TCACATTTTGTATACGACGATCTCTCCAAATGTCGTTCACCCAGTGCCCCAAC 6480
Db 6421 TCACATTTTGTATACGACGATATCCCTCCAAATGTCGTTCACCCAGTGCCCCAAC 6480
QY 6481 CTTGAGAGCTGACGTGGCCGTGACGGCGTACAGGTTCAAGTTATCTAGTGAGCCAA 6540
Db 6481 CTTGAGAGCTGACGTGGCCGTGACGGCGTACAGGTTCAAGTTATCTAGTGAGCCAA 6540
QY 6541 AACTCTTGGAGACATCTGCTTGTTACGGTCCGACGGTAAGGTAAAACTGTAA 6600
Db 6541 AACTCTTGGAGACATCTGCTTGTTACGGTCCGACGGTAAGGTAAAACTGTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCTGGTTCAGGCTGACACCTGCTGCGCATGCACTTAATTTGGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCCTGGTTCAGGCTGACACCTGCTGCGCATGCACTTAATTTGGTGA 6660
QY 6661 TGCACCTTGGAGCAAAATGACGTAAATTCACAAACACCTCTAGTGATGAAGCCGACGT 6720
Db 6661 TGCACCTTGGAGCAAAATGACGTAAATTCACAAACACCTCTAGTGATGAAGCCGACGT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTTGTTCACAAACAGGATTCGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTTCACAAACAGGATTCGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTC 6780
QY 6781 AGCTGCGCTTGCACACCAACCTGCGACGCCCTCCATGCAAGAGTGTGTAAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGCGCTTGCACACCAACCTGCGACGCCCTCCATGCAAGAGTGTGTAAAGAA 6840
QY 6841 GCGCAGATTCGCGGCAAGAACTGTTGCTTACCTTGCCCTCCGCGCATGCGTCCC 6900
Db 6841 GCGCAGATTCGCGGCAAGAACTGTTGCTTACCTTGCCCTCCGCGCATGCGTCCC 6900
QY 6901 AGGAGTGTACATGTCCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAACCT 6960
Db 6901 AGGAGTGTACATGTCCTGAAAGCTGCAAGAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAACCT 6960
QY 6961 CCTCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGCATGCGCTTGTGGAGCGGCTGA 7020
Db 6961 CCTCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTTGGCCATGCGCATGCGCTTGTGGAGCGGCTGA 7020
QY 7021 GTGTAAACCTTTCACGTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACAGGCGGAGGCCCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAAACCTTTCACGTGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAACAGGCGGAGGCCCTGATGA 7080
QY 7081 TTTAACCAAGTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGCTGACGAAAGTTGTGAC 7140
Db 7081 TTTAACCAAGTTACCTTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGCTGACGAAAGTTGTGAC 7140
QY 7141 GGGTACAAACGTTTCCAGCTACGTACTGCGCCCCCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
Db 7141 GGGTACAAACGTTTCCAGCTACGTACTGCGCCCCCTGACCTTAAGATACGGGAAAGGA 7200
QY 7201 TTTCCACTCAGTCAAGCCCCCGCCAAAGGCTTACAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
Db 7201 TTTCCACTCAGTCAAGCCCCCGCCAAAGGCTTACAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTGA 7260
QY 7261 TTTGCGAGCATGAGTCACTGGAACGACGTGATTAAGTTAGTTAGTTCTTAAAGT 7320
Db 7261 TTTGCGAGCATGAGTCACTGGAACGACGTGATTAAGTTAGTTAGTTCTTAAAGT 7320
QY 7321 TCTGTCTGCACTTCGGGCTACATGATGTTCTTCAAAACAAAGTCAATTTGTGTATGT 7380
Db 7321 TCTGTCTGCACTTCGGGCTACATGATGTTCTTCAAAACAAAGTCAATTTGTGTATGT 7380
QY 7381 GACGTGACGCGGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCAATTAATTAATGAACAACCTCT 7440
Db 7381 GACGTGACGCGGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCAATTAATTAATGAACAACCTCT 7440
QY 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500
Db 7441 GTTCCCCCATCATACCAAGCAAGTGAATGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT 7500

QY 7501 CGGTGATGAGGACATATGATGAAGTAGACGCTCACAGCCCTCAATGCTGTAAAGTC 7560
Db 7501 CGGTGATGAGGACATATGATGAAGTAGACGCTCACAGCCCTCAATGCTGTAAAGTC 7560
QY 7561 CCACATCACTGCGCTTCGCGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
Db 7561 CCACATCACTGCGCTTCGCGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGCAGCCGCAAGGCTGTTCT 7620
QY 7621 GGACTTGCAGAAATGTGTGACAGGACGATGATACCGAGTCTTAATCGGCAAACTGTAT 7680
Db 7621 GGACTTGCAGAAATGTGTGACAGGACGATGATACCGAGTCTTAATCGGCAAACTGTAT 7680
QY 7681 AGTCCAAAGAGAGAGTCTTCGTGAAGACCCCGCAAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
Db 7681 AGTCCAAAGAGAGAGTCTTCGTGAAGACCCCGCAAAACCAACAAAGAAACCCCAAG 7740
QY 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTGAATGATGTTGTTGAAAGATGTAATAAGTCAAGT 7800
Db 7741 GCTTATCTGTACCCCACTTGAATGATGTTGTTGAAAGATGTAATAAGTCAAGT 7800
QY 7801 TGTCTCTGACGTATGTTAAAGCTGTCAATGAGATATGCGGTTTGTATGATCCACGTAC 7860
Db 7801 TGTCTCTGACGTATGTTAAAGCTGTCAATGAGATATGCGGTTTGTGTGACCCACGTAC 7860
QY 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTTGTCATGTCATGCGATGCAACCGATGCGAGCCACATGCGATAC 7920
Db 7861 CCGTGTCAAGCGTCTGTTGTCATGTCATGCGATGCAACCGATGCGAGCCACATGCGATAC 7920
QY 7921 AGTGTGTTTGAACATGATACACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
Db 7921 AGTGTGTTTGAACATGATACACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTC 7980
QY 7981 AGCAGCTAACTCAGTGCACACACCGAGCTGACATTCACACCATTTGGAGGACGTTATA 8040
Db 7981 AGCAGCTAACTCAGTGCACACACCGAGCTGACATTCACACCATTTGGAGGACGTTATA 8040
QY 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGCGCGAGAGATCGGATATCGTAGGTGATGTC 8100
Db 8041 CGCTGAGAGACCGATGATGCTTATGATGCGCGAGAGATCGGATATCGTAGGTGATGTC 8100
QY 8101 TTTCCGCGCTTATATCTACCTCAAGTTCCAAAGTTTGAACCTGCTGAGTGAATATGC 8160
Db 8101 TTTCCGCGCTTATATCTACCTCAAGTTTCCAAAGTTTGAACCTGCTGAGTGAATATGC 8160
QY 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGCGATGAAGACCTTGCTTCTTAATTTGGCGGAGATTTGAC 8220
Db 8161 TGCAGCCGAACAGGCTGCGATGAAGACCTTGCTTCTTAATTTGGCGGAGATTTGAC 8220
QY 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGGAGCAGATGACAGAAACAAAGCAATGCGTCTTGCTAG 8280
Db 8221 CGTAAATTTGGAAGAGCGCGGAGCAGATGACAGAAACAAAGCAATGCGTCTTGCTAG 8280
QY 8281 CTGATGAAGGTGATGGTGACCAACAAGATTTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
Db 8281 CTGATGAAGGTGATGGTGACCAACAAGATTTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGA 8340
QY 8341 ABAATTAACATATGCTCATCAAAATGTTACTCTGTGAATTAACCAAAAGTGCAGCTTA 8400
Db 8341 ABAATTAACATATGCTCATCAAAATGTTACTCTGTGAATTAACCAAAAGTGCAGCTTA 8400
QY 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCCTCGATCCCTTGGCAGAGTCTCTGCGAGGAGTCTGAG 8460
Db 8401 CTACTTTCTTACAGAGATCCTCGATCCCTTGGCAGAGTCTCTGCGAGGAGTCTGAG 8460
QY 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGCTGATTTGGATTAATACATCACTACCAATGTTTGTGGT 8520
Db 8461 ATACAAACCCAGTGTGCTGCTGATTTGGATTAATACATCACTACCAATGTTTGTGGT 8520
QY 8521 TACCGTGTGTGGCTGTCTCATTTTCAATGAGCAGATGCTCTTTGAGGACAACTTCCGA 8580
Db 8521 TACCGTGTGTGGCTGTCTCATTTTCAATGAGCAGATGCTCTTTGAGGACAACTTCCGA 8580
QY 8581 GACGCTGACCTTGAATGAGTATGAGAAAAATATACGCGTCTGTGAGAAATCTGCCAG 8640

Db 8581 GACTGTGACCTTGTGACTGTGTAAGGAAAAATTAACGGTGGCTGTGAAGATCTGCCAG 8640
Qy 8641 CATCATTTGCTGGTGTGACGATGATTGAGGCTTTCTCGGTGATGCGGTACCAAGCGTGA 8700
Db 8641 CATCATTTGCTGGTGTGACGATGATTGAGGCTTTCTCGGTGATGCGGTACCAAGCGTGA 8700
Qy 8701 GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAAGACATGACCATGCCCTGCGAGCCTGAGG 8760
Db 8701 GATCTCAGAGTTTCCCAATCACTAAGACATGACCATGCCCTGCGAGCCTGAGG 8760
Qy 8761 AAGAAAGCAGAGGCGGTCTGCGCCAGCGCCCAAGAGCGTGGCGAGCAACGCAAAAT 8820
Db 8761 AAGAAAGCAGAGGCGGTCTGCGCCAGCGCCCAAGAGCGTGGCGAGCAACGCAAAAT 8820
Qy 8821 GCGTGGCTCTCTCTCTGCGATGCTAATCTAGACCTCTAGCAGATTGGATTAAGAGG 8880
Db 8821 GCGTGGCTCTCTCTCTGCGATGCTAATCTAGACCTCTAGCAGATTGGATTAAGAGG 8880
Qy 8881 CGTGGCTGTGACACCACTTTCAATTATTTGATGTTAATCTCCCGAGAGGGGATGTGT 8940
Db 8881 CGTGGCTGTGACACCACTTTCAATTATTTGATGTTAATCTCCCGAGAGGGGATGTGT 8940
Qy 8941 TATTACCAAGAGAAAGTTTCCAGAGTTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTCAATTTT 9000
Db 8941 TATTACCAAGAGAAAGTTTCCAGAGTTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTCAATTTT 9000
Qy 9001 TGCCCTAGGGCTCATGCTGTGATTTAGCATGACATGACGAGTGAACCCCAATTCAAATTA 9060
Db 9001 TGCCCTAGGGCTCATGCTGTGATTTAGCATGACATGACGAGTGAACCCCAATTCAAATTA 9060
Qy 9061 CTACAG----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAGGCGAGGCAAGAGGAGAGCC 9116
Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGAAGGCGAGGCGAAGAGGAGAGCC 9120
Qy 9117 GGGCTTAACGAGCCCGC 9133
Db 9121 GGGCTTAACGAGCCCGC 9137

RESULT 7
US-08-467-344A-393
Sequence 393, Application US/08467344A
Patent No. 6586568
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: JOHN N. SIMONS
TAMI J. PILOT-MATTIAS
GEORGE J. DAMSON
GEORGE G. SCHLAUDER
SURESH M. DESAI
THOMAS P. LEARY
ANTHONY SCOTT MUEHROFF
JAMES C. ERKER
SHERI L. BUIJK
ISA K. MUSHAMMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/467,344A
FILING DATE: 07-Jun-1995

CLASSIFICATION: <Unknown>
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: 08/424,550
FILING DATE: <Unknown>
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: FOREMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
FEATURE:
NAME/KEY: 5'UTR
LOCATION: 1..445
FEATURE:
NAME/KEY: CDS
LOCATION: 446..9037
FEATURE:
NAME/KEY: 3'UTR
LOCATION: 9038..9143
SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:
US-08-467-344A-393
Query Match 96.4%; Score 905.8; DB 3; Length 9143;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;
Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;
Qy 1 ACCAACAACACTCCAGTTTGTACATCTCCGTAGGAATGCTCTCGAGACACCCCTTAG 60
Db 1 ACCAACAACACTCCAGTTTGTACATCTCCGTAGGAATGCTCTCGAGACACCCCTTAG 60
Qy 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCGTGCAGAGGGTGAAGCCACACTTAATAT 120
Db 61 CAGGCGGTGGGGGATTTCCCTGCGCGTGCAGAGGGTGAAGCCACACTTAATAT 120
Qy 121 GTAGCGCGGGGACTCATGACGCTCGGTGATGACCAAGCGCAAGCTTGACTTGATGAC 180
Db 121 GTAGCGCGGGGACTCATGACGCTCGGTGATGACCAAGCGCAAGCTTGATGATGAC 180
Qy 181 CTGATGCGCGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
Db 181 CTGATGCGCGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 240
Qy 241 CCTCCAGATGACCGCGGACCTGTAGGGAACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGC 300
Db 241 CCTCCAGATGACCGCGGACCTGTAGGGAACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGC 300
Qy 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCGCTCCGGAAGTATGGGCAAGCCCACTATATGTGT 360
Qy 361 TGGAGTGTGGGGTTAGCATCATACCGTATGCTGATAGAGGTCTTTCGAGGGGAT 420
Db 361 TGGAGTGTGGGGTTAGCATCATACCGTATGCTGATAGAGGTCTTTCGAGGGGAT 420
Qy 421 CTGGAGTCTCTGTAGACCTGAGCAATGCTGATATTTCTAATACTAACAATCTCTGATC 480
Db 421 CTGGAGTCTCTGTAGACCTGAGCAATGCTGATATTTCTAATACTAACAATCTCTGATC 480
Qy 481 TGCGCCAGAGCGGCAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 540
Db 481 TGCGCCAGAGCGGCAAGAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 540
Qy 541 ATCTGTTGAAGGGAGCAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600
Db 541 ATCTGTTGAAGGGAGCAAGAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAGCAAG 600

QY	601	TTACAAATTCGTCGTATCCATATGATGCGCTTCGACACTTGGCTCAGGCTGCTTTCGACG	660
Db	601	TTACAAATTCGTCGTATCCATATGATGCGCTTCGACACTTGGCTCAGGCTGCTTTCGACG	660
QY	661	TCATGCTTGGGGAGCGCCAGACCCCTCGCCCAATAGTCTCGCAATCTTGGAAATCCTTCTGGA	720
Db	661	TCATGCTTGGGGAGCGCCAGACCCCTCGCCCAATAGTCTCGCAATCTTGGAAATCCTTCTGGA	720
QY	721	TTACCCCTTTGGGGTGGATGGTGTATGTTAACATCTACACACCTCTAGTAGGCCCCGTGT	780
Db	721	TTACCCCTTTGGGGTGGATGGTGTATGTTAACATCTACACACCTCTAGTAGGCCCCGTGT	780
QY	781	GGCAGAGAGCGGTGCGTTGACACAGCTGCGACAGATATGTATGCGCTGCTGGAGATGGAGTCAA	840
Db	781	GGCAGAGAGCGGTGCGTTGACACAGCTGCGACAGATATGTATGCGCTGCTGGAGATGGAGTCAA	840
QY	841	CTGGGCTACTGCTGTGTTCGGTGTCCACTTCTTTTGTGTGTATGTCTGCTATCTTTGGCCTG	900
Db	841	CTGGGCTACTGCTGTGTTCGGTGTCCACTTCTTTTGTGTGTATGTCTGCTATCTTTGGCCTG	900
QY	901	TCCCTGTATGTGGGGCGGGGGTCACTGACCCAGACAAATATCCCAATCTCTGACCAATTG	960
Db	901	TCCCTGTATGTGGGGCGGGGGTCACTGACCCAGACAAATATCCCAATCTCTGACCAATTG	960
QY	961	CTGCGAGGGTATAGAGGTATCTATGTGTCTCTTCACATGCGCTTACACAGAGCTGSGTGG	1020
Db	961	CTGCGAGGGTATAGAGGTATCTATGTGTCTCTTCACATGCGCTTACACAGAGCTGSGTGG	1020
QY	1021	TGTGATCTGTGCGGAGCGAGTCTGSGGTTCCCGCCAAATCCGTAATCTGACACCTTCCAA	1080
Db	1021	TGTGATCTGTGCGGAGCGAGTCTGSGGTTCCCGCCAAATCCGTAATCTGACACCTTCCAA	1080
QY	1081	TTGGAATGCGGACCGGACTCCCTCTTGGGCGACACCAATTGATTTGTATAGGGCGCTCTGT	1140
Db	1081	TTGGAATGCGGACCGGACTCCCTCTTGGGCGACACCAATTGATTTGTATAGGGCGCTCTGT	1140
QY	1141	GACCTGTGACCCCGCTTGAACATTTGGTGAATTGTGTGTCGCTGTATTTAGTCGGTGACTG	1200
Db	1141	GACCTGTGACCCCGCTTGAACATTTGGTGAATTGTGTGTCGCTGTATTTAGTCGGTGACTG	1200
QY	1201	GCTTGTCAAGGCACTGCGCTTATTTCAATATGACCTCAATGAAACCTGTATCTTACCTGGA	1260
Db	1201	GCTTGTCAAGGCACTGCGCTTATTTCAATATGACCTCAATGAAACCTGTATCTTACCTGGA	1260
QY	1261	AGTGCCCACTGGAATAGATCTCGGGTTCCTAGGGTTTATCGGGTGSATAGCGCGGCAAGT	1320
Db	1261	AGTGCCCACTGGAATAGATCTCGGGTTCCTAGGGTTTATCGGGTGSATAGCGCGGCAAGT	1320
QY	1321	CGAGGCTGTCAATCTTCTTGACCAAACTGGCTTTCACAGTACCAATACGCTATTTGGACTAT	1380
Db	1321	CGAGGCTGTCAATCTTCTTGACCAAACTGGCTTTCACAGTACCAATACGCTATTTGGACTAT	1380
QY	1381	GTTTATGCACTGTACACTACCTCGGGGGTGTGGGGCTGTGATCTTACTATGCTCTCGGGGCAA	1440
Db	1381	GTTTATGCACTGTACACTACCTCGGGGGTGTGGGGCTGTGATCTTACTATGCTCTCGGGGCAA	1440
QY	1441	GTTGATATAGTGTGCTCTTAGGCGCTTATGCTTTACATAGAACGCACTCTGGAACCCCTAT	1500
Db	1441	GTTGATATAGTGTGCTCTTAGGCGCTTATGCTTTACATAGAACGCACTCTGGAACCCCTAT	1500
QY	1501	CAGGGTCCCACTGGATGCTCAATATGCTGAAGTTTGTGCGCCTTGAATGATATCAATGTCC	1560
Db	1501	CAGGGTCCCACTGGATGCTCAATATGCTGAAGTTTGTGCGCCTTGAATGATATCAATGTCC	1560
QY	1561	TTGCACTCTTATTTGAGTGAGAAATGTGTCAAGAACTCAATTTGTATCAGCTCCAAAGTGAAC	1620
Db	1561	TTGCACTCTTATTTGAGTGAGAAATGTGTCAAGAACTCAATTTGTATCAGCTCCAAAGTGAAC	1620
QY	1621	CAGGCTATCACTGTAGATATACAACTCCATATCTTGGTATCCCTTATACATCTCCCTGG	1680
Db	1621	CAGGCTATCACTGTAGATATACAACTCCATATCTTGGTATCCCTTATACATCTCCCTGG	1680

QY	1681	TGCGAGGGGATGTAATGGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGTGCGGTAATTGGCAA	1740
Db	1681	TGCGAGGGGATGTAATGGTTAAATTCAAAATAACACATGGGGTGTGCGGTAATTGGCAA	1740
QY	1741	TGTGCATTCGTACGTGCACTATGGGACCTGATGTCAGTGTGGAAAGCACTCGCAACTTA	1800
Db	1741	TGTGCATTCGTACGTGCACTATGGGACCTGATGTCAGTGTGGAAAGCACTCGCAACTTA	1800
QY	1801	CGAAGTATGGGGTGTAAACCATGCTTACACACCGCATGGCACACGGCTCAGCCCTGAA	1860
Db	1801	CGAAGCATGGGGTGTAAACCATGCTTACACACCGCATGGCACACGGCTCAGCCCTGAA	1860
QY	1861	ATTGGCTATATTACATATCCCTGGGTCTAAAGAAATGTTAAACCTCATTAATTGATGTC	1920
Db	1861	ATTGGCTATATTACATATCCCTGGGTCTAAAGAAATGTTAAACCTCATTAATTGATGTC	1920
QY	1921	AGGCACTTGTATTTTATAGGGATCAGTACCCCTATAGTTACTTTTATATGACCCCTGAA	1980
Db	1921	AGGCACTTGTATTTTATAGGGATCAGTATCCCTATAGTTACTTTTATATGACCCCTGAA	1980
QY	1981	TTTCACTCTCTACACCGGAGAGGTGGCTAGGTGCCCCGTATCCCACTGTGGTAGC	2040
Db	1981	TTTCACTCTCTACACCGGAGAGGTGGCTAGGTGCCCCGTATCCCACTGTGGTAGC	2040
QY	2041	TGTTTCTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAAGACTTACGCACAGG	2100
Db	2041	TGTTTCTTGGTTACAGGTTCCGCAAGGGTTTACAGTATGTGAAAGACTTACGCACAGG	2100
QY	2101	ATTGATCACCAAAACAAAGCTCGGAAATAATTACAGTCTTATATTCGGCCACGGGTGC	2160
Db	2101	ATTGATCACCAAAACAAAGCTCGGAAATAATTACAGTCTTATATTCGGCCACGGGTGC	2160
QY	2161	TTTGTCTCTTACGGGAATTACACCAAGGCCGTGTCATTAATCTGTTGGGGTTGTGTGG	2220
Db	2161	TTTGTCTCTTACGGGAATTACACCAAGGCCGTGTCATTAATCTGTTGGGGTTGTGTGG	2220
QY	2221	CAGCAAGTATCTTATTTTAAAGCTACCTCTGTATCTTGCCCTTGTTTTGGGGCGCTTC	2280
Db	2221	CAGCAAGTATCTTATTTTAAAGCTACCTCTGTACTTGCTTCCCTTGTTTTGGGGCGCTTC	2280
QY	2281	TGTTTACCTTTGGGTCTGTGCTCCATCCCACTGATATCTCCAGTGGCTGGGATGT	2340
Db	2281	TGTTTACCTTTGGGTCTGTGCTCCATCCCACTGATATCTCCAGTGGCTGGGATGT	2340
QY	2341	TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTTTGTCTTGAATTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG	2400
Db	2341	TTTGTCTTAAAGCTCAAGTACCTCTTTTGTCTTGAATTTCTTCATCTGTGTCTATCTCG	2400
QY	2401	CTGCAGGCTACGTATGCTGCCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCCATGGCTCGGGCTTGGCCCT	2460
Db	2401	CTGCAGGCTACGTATGCTGCCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCCATGGCTCGGGCTTGGCCCT	2460
QY	2461	AACTTTCTTTTGTGACAGACTGCTGCCCAACAGATTATGACTGTGGGTGGCACTGCT	2520
Db	2461	AACTTTCTTTTGTGACAGACTGCTGCCCAACAGATTATGACTGTGGGTGGCACTGCT	2520
QY	2521	AGTGCAGAGGTATGTTTGTGGGCGGGCGGTAACGATGTCACCGCATAGCTCTGCTGT	2580
Db	2521	AGTGCAGAGGTATGTTTGTGGGCGGGCGGTAACGATGTCACCGATGATAGCTCTGCTGT	2580
QY	2581	AGGTCTTGGGCTCTGTAGAGGCTTTTAAACCTCTTGATATTGGTTACCGCTGCTTACG	2640
Db	2581	AGGTCTTGGGCTCTGTAGAGGCTTTTAAACCTCTTGATATTGGCTACCGCTGCTTACG	2640
QY	2641	TTTTGATATCCGAGATATTGGAAGGGCTGACAAATACCTGTAGTACATTAGTTGTTCAT	2700
Db	2641	TTTTGATATCCGAGATATTGGAAGGGCTGACAAATACCTGTAGTACATTAGTTGTTCAT	2700
QY	2701	GTTCTGTTTGGCTCTTTTGTCTACTGTATACCTGGCGTGTAGTTAACTCTTAATCT	2760
Db	2701	GTTCTGTTTGGCTCTTTTGTCTACTGTATACCTGGCGTGTGTAGTTAACTCTTAATCT	2760
QY	2761	TTGGCAATGTTGGGAGATTGGTTTGTGAAAGTTTACATAAGACCGAGAGTTTTCCT	2820

Db 2761 TTGGCAACGTTGGAGAAATGGTTTGGAACTTACATTAAGACCGGAGAGTTTCTCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCCGGTGGCAATATGACGGCGGTGACTTCTGTGTGCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCCGGTGGCAATATGACGGCGGTGACTTCTGTGTGCA 2880
Qy 2881 CGTAGCTCTTATGTATTAACATTCAGTGCAGCATCGTTCTTTGGGACTGACTAGGAT 2940
Db 2881 CGTAGCTCTTATGTATTAACATTCAGTGCAGCATCGTTCTTTGGGACTGACTAGGAT 2940
Qy 2941 TAGGGCCCAATAGATGT 3000
Db 2941 TAGGGCCCAATAGATGT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGT 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTCTCTTATGT 3060
Qy 3061 TGTGATGTCTTACCTAATGATTTTGGCTGAACTACATTCGAAAGCCATTTTTCCT 3120
Db 3061 TGTGATGTCTTACCTAATGATTTTGGCTGAACTACATTCGAAAGCCATTTTTCCT 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGCAATAGAAAGACGCTTGGGTGGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGCAAGGCTCTATAGCAATAGAAAGACGCTTGGGTGGGAGAC 3180
Qy 3181 GGTGATGT 3240
Db 3181 GGTGATGT 3240
Qy 3241 GCCGCGAGATGGGTGGCCATTAACCGCACTTTTACGTGAGTCTCTCTGAACGTGG 3300
Db 3241 GCCGCGAGATGGGTGGCCATTAACCGCACTTTTACGTGAGTCTCTCTGAACGTGG 3300
Qy 3301 CACGCTGTACGAGTGGCAAGTGTGATGATCTGTATTAAGACCCCGAATTTGACTGGAAC 3360
Db 3301 CACGCTGTACGAGTGGCAAGTGTGATGATCTGTATTAAGACCCCGAATTTGACTGGAAC 3360
Qy 3361 TATCTTCAAGTATAGATCTCTGGCCATAGCTACATGAGATTTGTTGTGACAAAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAAGTATAGATCTCTGGCCATAGCTACATGAGATTTGTTGTGACAAAGTGT 3420
Qy 3421 GTATATCTGCTACATGAGCAAGGCGCGGTGTGCTCATCCCAAGGCTCTATACA 3480
Db 3421 GTATATCTGCTACATGAGCAAGGCGCGGTGTGCTCATCCCAAGGCTCTATACA 3480
Qy 3481 CCCAATTAACCGTTGACGGGGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAATGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTTGACGGGGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAATGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTCGGTCTCTTGGGGGAGACCAAGGGGTATCTGTAAACCAATGAGGCTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTCGGTCTCTTGGGGGAGACCAAGGGGTATCTGTAAACCAATGAGGCTC 3600
Qy 3601 ATTGTTAGGTCAACAATCCGATGACCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
Db 3601 ATTGTTAGGTCAACAATCCGATGACCTTATGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 3660
Qy 3661 GGTGTTGGCAAGGTTCTTCAAGT 3720
Db 3661 GGTGTTGGCAAGGTTCTTCAAGT 3720
Qy 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGGGGGTTCAGTCAAGCCAGATTAGGGTTAGGCCCTT 3780
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGGGGGTTCAGTCAAGCCAGATTAGGGTTAGGCCCTT 3780
Qy 3781 GGTGTTGGTGAATCAATCCGATGACCAAGCAATGCACTCTTGAATCAAAACCTAC 3840
Db 3781 GGTGTTGGTGAATCAATCCGATGACCAAGCAATGCACTCTTGAATCAAAACCTAC 3840
Qy 3841 TGTGCTTAAGATTTCAAGTCAAAATTTTATGCTCCCACTGGCAGCGGCAATCAAC 3900
Db 3841 TGTGCTTAAGATTTCAAGTCAAAATTTTATGCTCCCACTGGCAGCGGCAATCAAC 3900

Db 3841 TGTGCTTAAGATTTCAAGTCAAAATTTTATGCTCCCACTGGCAGCGGCAATCAAC 3900
Qy 3901 CAATTTACACTTTCTTACATGACAGAGAATGAGTCTTGTCTTAATCCAGTGT 3960
Db 3901 CAATTTACACTTTCTTACATGACAGAGAATGAGTCTTGTCTTAATCCAGTGT 3960
Qy 3961 GGTGCAACAGCATCAATGCAAGAGTACATGACCGGAGTACGCGGTGAATTCAAATTTG 4020
Db 3961 GGTGCAACAGCATCAATGCAAGAGTACATGACCGGAGTACGCGGTGAATTCAAATTTG 4020
Qy 4021 CTATTTTAATGCAAAATGTAACCAACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
Db 4021 CTATTTTAATGCAAAATGTAACCAACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACATATGGCAT 4080
Qy 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAATATGAGTCAATCATTTGTGAGCAATGCTATGC 4140
Db 4081 GTACCTGACCGGAGCATGTTCCCGGAATATGAGTCAATCATTTGTGAGCAATGCTATGC 4140
Qy 4141 TACGATGCAACACCGTGTGGGCAATGAAAGGTTCTAACGAAAGCTCCATCCAAAA 4200
Db 4141 TACGATGCAACACCGTGTGGGCAATGAAAGGTTCTAACGAAAGCTCCATCCAAAA 4200
Qy 4201 TGTGAGT 4260
Db 4201 TGTGAGT 4260
Qy 4261 CAACATTAATGATTAATTAACCGATGAAGGCACTATCCCTTCAATGAAAAAGAT 4320
Db 4261 CAACATTAATGATTAATTAACCGATGAAGGCACTATCCCTTCAATGAAAAAGAT 4320
Qy 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG 4380
Db 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG 4380
Qy 4381 TGTGAGT 4440
Db 4381 TGTGAGT 4440
Qy 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGATGTGCACTGATGCTGTGG 4500
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAAAATCCCTGAGGGGAGCTGTGATGTGCACTGATGCTGTGG 4500
Qy 4501 TACAGGTTACCTGTGACTTTGATCCGTATGACTGACGCTCATGTGAAAGGCAAC 4560
Db 4501 TACAGGTTACCTGTGACTTTGATCCGTATGACTGACGCTCATGTGAAAGGCAAC 4560
Qy 4561 ATGCCATGTTGACCTTGACCTTACCTTACCAATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4620
Db 4561 ATGCCATGTTGACCTTGACCTTACCTTACCAATGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4620
Qy 4621 AATAGTTAAAGGCAAGGCTGAGGGCCGCAAGGCGGTGGAGAGCTGGCATATTAATCA 4680
Db 4621 AATAGTTAAAGGCAAGGCTGAGGGCCGCAAGGCGGTGGAGAGCTGGCATATTAATCA 4680
Qy 4681 TGTAGACGGGAGTTGACCTTGGGTATGTTCTGAATGCAATTTGTTGAAGCTT 4740
Db 4681 TGTAGACGGGAGTTGACCTTGGGTATGTTCTGAATGCAATTTGTTGAAGCTT 4740
Qy 4741 CGAGCGACCAAGGATGATGTTGTCTATCAACAAGAACTCAATTTCTGAGCAC 4800
Db 4741 CGAGCGACCAAGGATGATGTTGTCTATCAACAAGAACTCAATTTCTGAGCAC 4800
Qy 4801 CTATGCAACCAAGCTGAGTTTACCTGCAATGAGCAAAATTTGAGCGAGTGGCTGATCT 4860
Db 4801 CTATGCAACCAAGCTGAGTTTACCTGCAATGAGCAAAATTTGAGCGAGTGGCTGATCT 4860
Qy 4861 CTTTCTATGTTCAACCCGAACCTTATTTGTCAATCTGCAAAAAAAGTGTGACAA 4920
Db 4861 CTTTCTATGTTCAACCCGAACCTTATTTGTCAATCTGCAAAAAAAGTGTGACAA 4920
Qy 4921 TTAATGTTTGTGATGAGGCAACCTAACAATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4980
Db 4921 TTAATGTTTGTGATGAGGCAACCTAACAATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4980

QY 4981 CAATGACGACACCGGTGGCAGGAGCCCGGCTTGGGMAAAACCTTGTGGGTTCTGGG 5040
Db 4981 CAATGACGACACCGGTGGCAGGAGCCCGGCTTGGGMAAAACCTTGTGGGTTCTGGG 5040
QY 5041 GGGCTTGGACGGCGCTGACGGCTGTCTGGCCACAGCCACGAGGTGACCAAGATACCA 5100
Db 5041 GGGCTTGGACGGCGCTGACGGCTGTCTGGCCACAGCCACGAGGTGACCAAGATACCA 5100
QY 5101 AATGTGCTTCACTGAAAGTCAATATCTTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
Db 5101 AATGTGCTTCACTGAAAGTCAATATCTTGGGACAGCCGCACTCGCTGTGGCGTTGAGT 5160
QY 5161 GGGCTATGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCCGCACTTGTGTGGCCGCTTGTGGTC 5220
Db 5161 GGGCTATGCTTATCTAGCCATTGACACTTTTGGCCGCACTTGTGTGGCCGCTTGTGGTC 5220
QY 5221 TATTCATCATGTCCTTACCGGTGCTACTGTCCGCCAGTGTGACGAGAAGAAATCGT 5280
Db 5221 TATTCATCATGTCCTTACCGGTGCTACTGTCCGCCAGTGTGACGAGAAGAAATCGT 5280
QY 5281 GGAGAGTGTGATCATTCATTCCTTGGAGGCCATGTTGCTGCAATCGATTAAGCTGAA 5340
Db 5281 GGAGAGTGTGATCATTCATTCCTTGGAGGCCATGTTGCTGCAATCGATTAAGCTGAA 5340
QY 5341 GAGTAAATACCAACCAACTAGTCTTTCACATTGGAAACCGCCCTTGAAGAACTTAAAC 5400
Db 5341 GAGTAAATACCAACCAACTAGTCTTTCACATTGGAAACCGCCCTTGAAGAACTTAAAC 5400
QY 5401 CTTTCTTGGGCGCTCAGCAGCTACATCCCTGCTATCATAGAGTATTTGCTGTGGTTAGT 5460
Db 5401 CTTTCTTGGGCGCTCAGCAGCTACATCCCTGCTATCATAGAGTATTTGCTGTGGTTAGT 5460
QY 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATCATGCGGTTTGTCTTCAATGCGGGATTAATAC 5520
Db 5461 CACTTACCTGACAAATCCCTTGGCATCATGCGGTTTGTCTTCAATGCGGGATTAATAC 5520
QY 5521 CCCACTACCTCACAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGGAGGCGCAATTCCTGCCAA 5580
Db 5521 CCCACTACCTCACAAGATCAAAATGTTCTGTCTATTTTGGAGGCGCAATTCCTGCCAA 5580
QY 5581 GCTTACAGACGTAGAGGGGCACTGGCGTTCAATGATGGCCGGGCGTACAGCTCT 5640
Db 5581 GCTTACAGACGTAGAGGGGCACTGGCGTTCAATGATGGCCGGGCGTACAGCTCT 5640
QY 5641 TGGTATACGACATCGGTGGGTTTGTCTTGAATGCTAGGCGGCTATGCTGCCCTC 5700
Db 5641 TGGTATACGACATCGGTGGGTTTGTCTTGAATGCTAGGCGGCTATGCTGCCCTC 5700
QY 5701 ATTCACCTGCTTGTGAATTTAAATGCTTGAATGGGTGAGTGGCCCACTATGATACGT 5760
Db 5701 ATTCACCTGCTTGTGAATTTAAATGCTTGAATGGGTGAGTGGCCCACTATGATACGT 5760
QY 5761 TGGTGTATATGCTTACCTCGCGTTCAATCCGCGGAGAGTGTGGGGGCTTGTCCAG 5820
Db 5761 TGGTGTATATGCTTACCTCGCGTTCAATCCGCGGAGAGTGTGGGGGCTTGTCCAG 5820
QY 5821 TTGTGCAATGTTGCTTGAACAACAGAGGGCCAGATCACTGGCCCAACGATTTCTTAC 5880
Db 5821 TTGTGCAATGTTGCTTGAACAACAGAGGGCCAGATCACTGGCCCAACGATTTCTTAC 5880
QY 5881 TATGCTTGTAGAGCAACCTGTATGTAAATGAGTACTTTATTTGCACTGTACATCCG 5940
Db 5881 TATGCTTGTAGAGCAACCTGTATGTAAATGAGTACTTTATTTGCACTGTACATCCG 5940
QY 5941 CAGGAAGATCTGGGCAATTTGAGAGCAATACCCCTGGAGTGTATACGCTTGCAT 6000
Db 5941 CAGGAAGATCTGGGCAATTTGAGAGCAATACCCCTGGAGTGTATACGCTTGCAT 6000
QY 6001 CCGTGGCTCCACACCCCGACGAGATGATGTGGGCTCATGCTTGGGGTCTAAGAT 6060
Db 6001 CCGTGGCTCCACACCCCGACGAGATGATGTGGGCTCATGCTTGGGGTCTAAGAT 6060

QY 6061 TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
Db 6061 TTGGCAGTATGTGCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGCTTAAAGCTGAGTTCA 6120
QY 6121 GAGCAGTGTAAATTTCTGTGTGCTTCTTCTAAGCTGTGCCAAGAGGGTAAAGGGCCC 6180
Db 6121 GAGCAGTGTAAATTTCTGTGTGCTTCTTCTAAGCTGTGCCAAGAGGGTAAAGGGCCC 6180
QY 6181 CTGATGAGATCAGGTATGCTCCAGCAACGCTGTGTCAGGCGGTGCAATCATCTTTTC 6240
Db 6181 CTGATGAGATCAGGTATGCTCCAGCAACGCTGTGTCAGGCGGTGCAATCATCTTTTC 6240
QY 6241 TGTGAGATGGTTTGGCAAACTTAAAGAACCCAGAACTTGTCAATTAATTAAGAG 6300
Db 6241 TGTGAGATGGTTTGGCAAACTTAAAGAACCCAGAACTTGTCAATTAATTAAGAG 6300
QY 6301 AGGGGCTGTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCCAACTGATTC 6360
Db 6301 AGGGGCTGTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCCAACTGATTC 6360
QY 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTAATGAGGTTAGGAGCACTAGTAAATATGAGAAATGGAGA 6420
Db 6361 GACTAGTCTTGTGCTCAATTAATGAGGTTAGGAGCACTAGTAAATATGAGAAATGGAGA 6420
QY 6421 TCAATTTTGTTCAGCAGTATCCTTCCAAATGTCTGTTTCAACCAGGTGCCCAAC 6480
Db 6421 TCAATTTTGTTCAGCAGTATCCTTCCAAATGTCTGTTTCAACCAGGTGCCCAAC 6480
QY 6481 CTYGAAGCTGACAGTGGCGGTGACAGCGGTACAGGTTCAATGTATCTAGTGAACCAA 6540
Db 6481 CTYGAAGCTGACAGTGGCGGTGACAGCGGTACAGGTTCAATGTATCTAGTGAACCAA 6540
QY 6541 AACTCTTGGAGACATCTGCTGTGTTACGCTCGGACGGTAAAGGTTAAAGTTTAA 6600
Db 6541 AACTCTTGGAGACATCTGCTGTGTTACGCTCGGACGGTAAAGGTTAAAGTTTAA 6600
QY 6601 GCTTCCCTTCCGCTGTGACAGGTCAACACCTGCTGTGCTATGCAATTAATTTGCGTGA 6660
Db 6601 GCTTCCCTTCCGCTGTGACAGGTCAACACCTGCTGTGCTATGCAATTAATTTGCGTGA 6660
QY 6661 TGCACCTTGGACAAATGACTGTAAATTCATAAACAACCTCTAGATGAGAGCCAGT 6720
Db 6661 TGCACCTTGGACAAATGACTGTAAATTCATAAACAACCTCTAGATGAGAGCCAGT 6720
QY 6721 GTCCGCTCTTGTTCACACAGAGTGTGGGGTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTTTC 6780
Db 6721 GTCCGCTCTTGTTCACACAGAGTGTGGGGTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTTTC 6780
QY 6781 AGCTGGCGTTGACACCAACCTGACAGCCCTTCATCGAAGAGTGTAGTAAAGAA 6840
Db 6781 AGCTGGCGTTGACACCAACCTGACAGCCCTTCATCGAAGAGTGTAGTAAAGAA 6840
QY 6841 GCGCAGTTCGCGGACAGAACTGTGCTTACCTTGTCCCTCCGAGATCGTCCC 6900
Db 6841 GCGCAGTTCGCGGACAGAACTGTGCTTACCTTGTCCCTCCGAGATCGTCCC 6900
QY 6901 AGGAGTGTATGCTTGAAGAGCTGTGACAGAACTGCAACCTGTTGAAGGTCCTTCAACT 6960
Db 6901 AGGAGTGTATGCTTGAAGAGCTGTGACAGAACTGCAACCTGTTGAAGGTCCTTCAACT 6960
QY 6961 CCCTGCTTACACACCGTTCATGATGTGCAATGACCGAAGACAGGCGGAGCTGATGA 7020
Db 6961 CCCTGCTTACACACCGTTCATGATGTGCAATGACCGAAGACAGGCGGAGCTGATGA 7020
QY 7021 GTGTAAACCTTTCATGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAGACAGGCGGAGCTGATGA 7080
Db 7021 GTGTAAACCTTTCATGCAATTTGATGTGCAATGACCGAAGACAGGCGGAGCTGATGA 7080
QY 7081 TTTAACCACTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTCTGATGTGTGACAGAAAGTTGTGAC 7140
Db 7081 TTTAACCACTTACCTCCCAAAAAGAGGTCTCTGATGTGTGACAGAAAGTTGTGAC 7140
QY 7141 GGTACCAACGTTTCCAGCTAGGTTACTGGCCCCCGTACCTTAAGATACGGGGAAGA 7200

APPLICANT: THOMAS P. LEARY
APPLICANT: ANTHONY SCOTT MOERHOFF
APPLICANT: JAMES C. ERKER
APPLICANT: SHERI L. BULIK
APPLICANT: ISA K. MUSHAMMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550B
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: POBEMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 9143 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: linear (genomic)
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-424-550B-390

Query Match 96.4%; Score 9059.8; DB 3; Length 9143;

Best local Similarity 99.6%; Pred. No. 0;

Matches 9096; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 4; Gaps 1;

QY 1 ACCAACAACCTCCAGTTGTTACTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTCTAG 60
DB 1 ACCAACAACCTCCAGTTGTTACTCCGCTAGAAATGCTCTGAGACACCCCTCTAG 60
QY 61 CAGGGGCTGGGGATTTCCCTGCGCTGCGAGAAAGGGTGGAGCAACCACTTAGTAT 120
DB 61 CAGGGGCTGGGGATTTCCCTGCGCTGCGAGAAAGGGTGGAGCAACCACTTAGTAT 120
QY 121 GTAGGCGGCGGAGCTATGACGCTCGCTGATGACAAGCGCAAGCTTGTAGTGGC 180
DB 121 GTAGGCGGCGGAGCTATGACGCTCGCTGATGACAAGCGCAAGCTTGTAGTGGC 180
QY 181 CCGTATGGCGGTTCAATGAGTTGCGTGGTGGCGCTTTAGGCAAGCTTCAAGCCCA 240
DB 181 CCGTATGGCGGTTCAATGAGTTGCGTGGTGGCGCTTTAGGCAAGCTTCAAGCCCA 240
QY 241 CCTCCAGATAGAGCGCGGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAG 300
DB 241 CCTCCAGATAGAGCGCGGCACTGTAGGAGAAACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAG 300
QY 301 CAGACCTCTTTTGAAGTACAGCGCTCCGAGATAGTTGGGCAAGCCCACTATATGT 360
DB 301 CAGACCTCTTTTGAAGTACAGCGCTCCGAGATAGTTGGGCAAGCCCACTATATGT 360
QY 361 TGGAGATGGTGGGATAGCCATCCATACCTGCTGATAGGGTCTTTCGAGGGGAT 420
DB 361 TGGAGATGGTGGGATAGCCATCCATACCTGCTGATAGGGTCTTTCGAGGGGAT 420
QY 421 CTGGAGATCTCTGAGACCGTACATGCGTATTATTCTAACCAAGTCTGTACC 480

DB 421 CTGGAGATCTCTGAGACCGTACATGCGTATTATTCTAACCAAGTCTGTACC 480
QY 481 TGGCGCCGAAGCGCGAAGAACAGACAGACGAGGCTTCAATCTCTGTCCATTAAAC 540
DB 481 TGGCGCCGAAGCGCGAAGAACAGACAGACGAGGCTTCAATCTCTGTCCATTAAAC 540
QY 541 ATCTGTAAAGGGGAGCAACGAGCAAGGCGAAAGTCCAGGCGAGTCCGCTCTGTA 600
DB 541 ATCTGTAAAGGGGAGCAACGAGCAAGGCGAAAGTCCAGGCGAGTCCGCTCTGTA 600
QY 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATAGCTTGAGACATTTGAGCTGCTTTGCGAC 660
DB 601 TTACAAATTTGCTGTATCCATGATAGCTTGAGACATTTGAGCTGCTTTGCGAC 660
QY 661 TCATGTTGGGGAGCCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTTGAAATCTTCTGA 720
DB 661 TCATGTTGGGGAGCCCAAGACCTCGCATTAAGTCTGCAATCTTTGAAATCTTCTGA 720
QY 721 TTACCTTTGGGGATGGATGGATGTTTACAATCAACACCTCTAGTAGGCGCGTGT 780
DB 721 TTACCTTTGGGGATGGATGGATGTTTACAATCAACACCTCTAGTAGGCGCGTGT 780
QY 781 GGCAGAGCGGTCTTTCGACCAAGTCCAGATAGTACGCTTGAGAGATGAGTCAA 840
DB 781 GGCAGAGCGGTCTTTCGACCAAGTCCAGATAGTACGCTTGAGAGATGAGTCAA 840
QY 841 CTGGGCTACTGTTGGTTCGAGTCCACCTTTTGGTATGCTGTATCTTTGGCTGG 900
DB 841 CTGGGCTACTGTTGGTTCGAGTCCACCTTTTGGTATGCTGTATCTTTGGCTGG 900
QY 901 TCCCTGTATGGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACCAATACCAATCTCTGCAATTG 960
DB 901 TCCCTGTATGGGGGCGGGGTCACTGACCCAGACCAATACCAATCTCTGCAATTG 960
QY 961 CTGCGAGCGTAACTCAAGTTATCTATTTCTCTTCCACTTGTCTTACAGAGCTGTG 1020
DB 961 CTGCGAGCGTAACTCAAGTTATCTATTTCTCTTCCACTTGTCTTACAGAGCTGTG 1020
QY 1021 TGTGATCTGTGCGAGACGAGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTACATCCCTTCCAA 1080
DB 1021 TGTGATCTGTGCGAGACGAGTCTGGGTTCCCGCAATCCGTACATCCCTTCCAA 1080
QY 1081 TTGGAATGCGAGCACTGCTTCTTGGCTGACCAATTTGTTATGAGGCGCTCTGT 1140
DB 1081 TTGGAATGCGAGCACTGCTTCTTGGCTGACCAATTTGTTATGAGGCGCTCTGT 1140
QY 1141 GACCTGTGACGCGCTTTCGACATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
DB 1141 GACCTGTGACGCGCTTTCGACATTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 1200
QY 1201 GCTTGTCAAGCACTGCTTATTCATACCTCAATGAACTGTACTTGTACTGCGA 1260
DB 1201 GCTTGTCAAGCACTGCTTATTCATACCTCAATGAACTGTACTTGTACTGCGA 1260
QY 1261 AGTGCCCACTGGAATGATCTGAGGTTCTAGAGTTATTCGAGGATAGGCGGCAAG 1320
DB 1261 AGTGCCCACTGGAATGATCTGAGGTTCTAGAGTTATTCGAGGATAGGCGGCAAG 1320
QY 1321 CGAGGCTGTATCTTTCGACCAAACTGGCTTCAAGTACCAATGCTATTCGACTAT 1380
DB 1321 CGAGGCTGTATCTTTCGACCAAACTGGCTTCAAGTACCAATGCTATTCGACTAT 1380
QY 1381 GTTTAGCACTGTACATCTGAGCGGTGTGCGCTGATCTATAGGCTCTGAGGCA 1440
DB 1381 GTTTAGCACTGTACATCTGAGCGGTGTGCGCTGATCTATAGGCTCTGAGGCA 1440
QY 1441 GTGATACAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTTTACATAGAGGACCTCTGGAACCTAT 1500
DB 1441 GTGATACAGTTGCTCTAGCGCTTATGCTTTTACATAGAGGACCTCTGGAACCTAT 1500
QY 1501 CAGGATGCCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTGCTGCTTTGATGATACATGCTC 1560
DB 1501 CAGGATGCCCACTGATGCTCAATAGCTGATTTGCTGCTTTGATGATACATGCTC 1560

Db 1501 CAGGGTCCCACTGATGCTCAATAGCTGAGTTTGTGCGCCCTTGATGATACCAATGTC 1560
Qy 1561 TTGCCACTCTATTGAGTAGAGATGTGCAGAAAGTCATTGTTGACAGTCCAAAGTGAC 1620
Db 1561 TTGCCACTCTATTGAGTAGAGATGTGCAGAAAGTCATTGTTGACAGTCCAAAGTGAC 1620
Qy 1621 CAGGCTCTACTCTAGAGATTAACAATCTCCATCTTGGTAAACCCCTATACAAATCCCTGG 1680
Db 1621 CAGGCTCTACTCTAGAGATTAACAATCTCCATCTTGGTAAACCCCTATACAAATCCCTGG 1680
Qy 1681 TGGGAGGGGATGTATGTTAAATTCAAAATTAACAAGGGGTTGCTGCGGATTCGCA 1740
Db 1681 TGGGAGGGGATGTATGTTAAATTCAAAATTAACAAGGGGTTGCTGCGGATTCGCA 1740
Qy 1741 TGTGCATCTGTAAGTCACTATGAGGATCTGATGCAATGTGGAACGACATCTCGAACACTTA 1800
Db 1741 TGTGCATCTGTAAGTCACTATGAGGATCTGATGCAATGTGGAACGACATCTCGAACACTTA 1800
Qy 1801 CGAAGTATCGGATGTAACCAATGCGTAAACAACCGCATGGCAACAAGCTCAGCCCTGAA 1860
Db 1801 CGAAGTATCGGATGTAACCAATGCGTAAACAACCGCATGGCAACAAGCTCAGCCCTGAA 1860
Qy 1861 ATTGCTATATTAACAATACCCCTGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGATGTC 1920
Db 1861 ATTGCTATATTAACAATACCCCTGGCTTAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCCATTGTAATTTTGAAGGATCAGATPACCCCTATAGTTACTTTTATGACCTGTGA 1980
Db 1921 AGGCCATTGTAATTTTGAAGGATCAGATPACCCCTATAGTTACTTTTATGACCTGTGA 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGGAGAGGTGAGCTAGTTGCCGGTACCCCACTGTGTAAG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTACCAACCGGAGAGGTGAGCTAGTTGCCGGTACCCCACTGTGTAAG 2040
Qy 2041 TGGTCTTGTGTAAGGTTCGCAAGGTTTTCAGTATGTGAAGACTTACCAAG 2100
Db 2041 TGGTCTTGTGTAAGGTTCGCAAGGTTTTCAGTATGTGAAGACTTACCAAG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACCAAGAACAAGCTGTGAAAAATATCAGGCTTATATTCGCGCAAGGATGC 2160
Db 2101 ATTGATCAACCAAGAACAAGCTGTGAAAAATATCAGGCTTATATTCGCGCAAGGATGC 2160
Qy 2161 TTTGTCTCTTACGAGATTAACCAAGGCGGTGCTAATCTGTTGGGATGTG 2220
Db 2161 TTTGTCTCTTACGAGATTAACCAAGGCGGTGCTAATCTGTTGGGATGTG 2220
Qy 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACTCTGTACTCTGTTGCTTGTGTTGGCGGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGTATCTTATTTAGCTTACTCTGTACTCTGTTGCTTGTGTTGGCGGCTTC 2280
Qy 2281 TGGTACCCTTGTGCGTCTGCTCCATCCCAAGTGTATCTCAAGCTGGGTGGAGAT 2340
Db 2281 TGGTACCCTTGTGCGTCTGCTCCATCCCAAGTGTATCTCAAGCTGGGTGGAGAT 2340
Qy 2341 TTTGTCTAAAGCTCAAGTACTCTTTTGTGTTGATTTTCTTCATCTGTGCTATCTCG 2400
Db 2341 TTTGTCTAAAGCTCAAGTACTCTTTTGTGTTGATTTTCTTCATCTGTGCTATCTCG 2400
Qy 2401 CTGCAAGGCTAGCTTATGCTGCGCTTTTGAAGGTTTGTGCCATGCTGGCGGCTTC 2460
Db 2401 CTGCAAGGCTAGCTTATGCTGCGCTTTTGAAGGTTTGTGCCATGCTGGCGGCTTC 2460
Qy 2461 AACTTCTTGTGTGAGAGGCTGTGCCAATCAGATTAATGATGCTGGGTGGAGCT 2520
Db 2461 AACTTCTTGTGTGAGAGGCTGTGCCAATCAGATTAATGATGCTGGGTGGAGCT 2520
Qy 2521 AGTGGCAGGGTATGTTTGTGGCGGCGGTAAACCGTGTACCGCATAGCTGCTTGT 2580
Db 2521 AGTGGCAGGGTATGTTTGTGGCGGCGGTAAACCGTGTACCGCATAGCTGCTTGT 2580
Qy 2581 AGGTCCTTGGCTCTGTGTAAGCGCTTTTAAACCTCTTGCAATTTGGTATGCGCTTCA 2640
Db 2581 AGGTCCTTGGCTCTGTGTAAGCGCTTTTAAACCTCTTGCAATTTGGTATGCGCTTCA 2640

Qy 2641 TTTGATACCGAGATTAATTTGAGGGCTGACAATAACCACTGTAGTAGATTAAGTGTCA 2700
Db 2641 TTTGATACCGAGATTAATTTGAGGGCTGACAATAACCACTGTAGTAGATTAAGTGTCA 2700
Qy 2701 GTCTGTTTGGCTTCTTGTGCTCACTGTATCTGCTGTGTGTTAGTTAACTCTCAT 2760
Db 2701 GTCTGTTTGGCTTCTTGTGCTCACTGTATCTGCTGTGTGTTAGTTAACTCTCAT 2760
Qy 2761 TTGGCAAGGTTGGGAGATTTGTTGGAAGTTTCACTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
Db 2761 TTGGCAAGGTTGGGAGATTTGTTGGAAGTTTCACTAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
Qy 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGCGACATATGACCGCGTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
Db 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGCGACATATGACCGCGTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
Qy 2881 GTAGCTCTTCTATGTTTAAATCCAGTACAGCATGTTCTTGGGACTGACTAGAGGT 2940
Db 2881 GTAGCTCTTCTATGTTTAAATCCAGTACAGCATGTTCTTGGGACTGACTAGAGGT 2940
Qy 2941 TAGGCCCCATGAAATGTTGTGCGCTGTGGAAGTGTATGCTTGTATTCATATAT 3000
Db 2941 TAGGCCCCATGAAATGTTGTGCGCTGTGGAAGTGTATGCTTGTATTCATATAT 3000
Qy 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTAGTGTGTTGAGAAATGTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Db 3001 TCTTAAGTTTTCCTCTAGTGTGTTGAGAAATGTGTTTCTATTAAGCACTTGA 3060
Qy 3061 TGGTATGTCCTTGCCTAATGATTTTGTGCTCGAAATCAATGCAAGAGCCATTTTCCC 3120
Db 3061 TGGTATGTCCTTGCCTAATGATTTTGTGCTCGAAATCAATGCAAGAGCCATTTTCCC 3120
Qy 3121 TTTTGAAGGCAAGCAAGGCTATAGGAATGAAGAAAGCGTTGGGTGTGGGAGAC 3180
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGCAAGGCTATAGGAATGAAGAAAGCGTTGGGTGTGGGAGAC 3180
Qy 3181 GGTGATGTTTGGCCGCTGTGCGCGCTGCGCACTTGTGTTTCCGAGGGTGTGCTAT 3240
Db 3181 GGTGATGTTTGGCCGCTGTGCGCGCTGCGCACTTGTGTTTCCGAGGGTGTGCTAT 3240
Qy 3241 GCCCGCAGATGGGTGGCCATTAACCGACCTTTTACGTCGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
Db 3241 GCCCGCAGATGGGTGGCCATTAACCGACCTTTTACGTCGAGTGTCTCTGAAAGTGG 3300
Qy 3301 CAGCCTGTACAGATGAGAGTGTATGACCTGTATTAACCCCGCACTTGTGAATG 3360
Db 3301 CAGCCTGTACAGATGAGAGTGTATGACCTGTATTAACCCCGCACTTGTGAATG 3360
Qy 3361 TATCTTCAAGTTAGGATCTGTGCGCACTAGCTAACATGAGATTTGTTGTGACAGTGT 3420
Db 3361 TATCTTCAAGTTAGGATCTGTGCGCACTAGCTAACATGAGATTTGTTGTGACAGTGT 3420
Qy 3421 GTATATCTGATCAGATGAGCAACAAGGGGCGCGGTGTGCTATCCCAAGGCTCATACA 3480
Db 3421 GTATATCTGATCAGATGAGCAACAAGGGGCGCGGTGTGCTATCCCAAGGCTCATACA 3480
Qy 3481 CCCAATTAACCGTGAACGGGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAATGTGGAGCTGG 3540
Db 3481 CCCAATTAACCGTGAACGGGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAATGTGGAGCTGG 3540
Qy 3541 GTCCCTTACTGCTGCTCTTGTGCGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAACAGCACTGGGTC 3600
Db 3541 GTCCCTTACTGCTGCTCTTGTGCGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAACAGCACTGGGTC 3600
Qy 3601 ATTGTTGAGGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGCGGGGCCCTTCCAT 3660
Db 3601 ATTGTTGAGGTCAACAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGCGGGGCCCTTCCAT 3660
Qy 3661 GGTGTTTGGCAAGGTTCTTCAAGTGCCTGATCTGCTTCCGGGCAATGTTATTTGG 3720
Db 3661 GGTGTTTGGCAAGGTTCTTCAAGTGCCTGATCTGCTTCCGGGCAATGTTATTTGG 3720

QY	3721	GATGTTCAACGGCTGCTGAAAAATCTGGCGGTTCAGTGACATTAAGGTTAGGCCGTT	3780
Db	3721	GATGTTCAACGGCTGCTGAAATCTGGCGGTTCAGTGACCAATTAAGGTTAGGCCGTT	3780
QY	3781	GGTGTGCTGGGAATACATCCCGAGTACACAGCAGATGCCACTCTTGATCAATAAAGCCTAC	3840
Db	3781	GGTGTGCTGGGAATACATCCCGAGTACACAGCAGATGCCACTCTTGATCAATAAAGCCTAC	3840
QY	3841	TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCMAATTTTAATTTGCCCTCAGTGGCAGCGCAAGTCAAC	3900
Db	3841	TGTGCTTAACGAGTATTCAGTGCMAATTTTAATTTGCCCTCAGTGGCAGCGCAAGTCAAC	3900
QY	3901	CAAAATTCACATTTCTTACATGACGAGGAAGTATGAGGTTCTTGATTTCCAGTGT	3960
Db	3901	CAAAATTCACATTTCTTACATGACGAGGAAGTATGAGGTTCTTGATTTCCAGTGT	3960
QY	3961	GGCTACAAACGACATCANTGCCAAGTACATGACACGGACGTACGGCGGTGAATCAAAATTG	4020
Db	3961	GGCTACAAACGACATCANTGCCAAGTACATGACACGGACGTACGGCGGTGAATCAAAATTG	4020
QY	4021	CTATTTTAAATGGCAAAATGACCAACACAGGGGGCTTCACTTAACGTACAGCACATATGGCAT	4080
Db	4021	CTATTTTAAATGGCAAAATGACCAACACAGGGGGCTTCACTTAACGTACAGCACATATGGCAT	4080
QY	4081	GTACCTGACCGGACATGTTCCCGGAATATGATGATGATCATTTTGTGACGAATGCCATGC	4140
Db	4081	GTACCTGACCGGACATGTTCCCGGAATATGATGATGATCATTTTGTGACGAATGCCATGC	4140
QY	4141	TACCGATGCCAACCCGTTGGGCAATTGGAAAGTCTTAACGGAAGCTCATGCCAATCCAAAAA	4200
Db	4141	TACCGATGCCAACCCGTTGGGCAATTGGAAAGTCTTAACGGAAGCTCATGCCAATCCAAAAA	4200
QY	4201	TGTTAAGGCTAGTGGTCTTGGCACAAGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTACACCAATGC	4260
Db	4201	TGTTAAGGCTAGTGGTCTTGGCACAAGGCTACCCCGCTGAGATATCCCTACACCAATGC	4260
QY	4261	CAACATTACTGAGATTCATTAACCGATGAAGGACATATCCCTTATGAGAAAAAGAT	4320
Db	4261	CAACATTACTGAGATTCATTAACCGATGAAGGACATATCCCTTATGAGAAAAAGAT	4320
QY	4321	TAAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG	4380
Db	4321	TAAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTATCTTTGAGGCTACCAAAAAACCTG	4380
QY	4381	TGATGAGCTTCTAAACGATAGCTGCAAAAGGGAATAAACGCTGTCTTTACTATAAGGG	4440
Db	4381	TGATGAGCTTCTAAACGATAGCTGCAAAAGGGAATAAACGCTGTCTTTACTATAAGGG	4440
QY	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATTCACATGCTCTTGTG	4500
Db	4441	ATGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTGTAGTATTCACATGCTCTTGTG	4500
QY	4501	TACAGGGTACACTGCTGACTTTGATTCGTGTATGATGCTGACGCTCATATGTGAAGGCAC	4560
Db	4501	TACAGGGTACACTGCTGACTTTGATTCGTGTATGATGCTGACGCTCATATGTGAAGGCAC	4560
QY	4561	ATGCAATGTGACCTTGAACCTTATCAACATGGGATGTTGTGTGTGCGGGGTTGAGC	4620
Db	4561	ATGCAATGTGACCTTGAACCTTATCAACATGGGATGTTGTGTGTGCGGGGTTGAGC	4620
QY	4621	AATAGTTAAAGCCAGCGGTAGGGGCCGACAGGCCGCTGGAGAGCTGGCATATACTACTA	4680
Db	4621	AATAGTTAAAGCCAGCGGTAGGGGCCGACAGGCCGCTGGAGAGCTGGCATATACTACTA	4680
QY	4681	TGTAGACGGGAGTTTACCCCTGGGGGATAGGTTCTGGAATGCAACATGTTGAAGCCT	4740
Db	4681	TGTAGACGGGAGTTTACCCCTGGGGGATAGGTTCTGGAATGCAACATGTTGAAGCCT	4740
QY	4741	CGACGACGCAAGGCAATGATGTTTCTCATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC	4800
Db	4741	CGACGACGCAAGGCAATGATGTTTCTCATCAACAGAAAGCTCAAACTATTTGACAC	4800
QY	4801	CTATGACCCCAACTGGGTTACTTGATATGAGACAAATTTGACGATGGGCTGATCT	4860

Db	4801	CTATCGACCCAACTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTGGACGATGGGCTATCT	4860
Qy	4861	CTTTTCTATGGTCAACCCCGAACTTCAATTGTGCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA	4920
Db	4861	CTTTTCTATGGTCAACCCCGAACTTCAATTGTGCAATCTGCAAAAAGAACTGCTGACAA	4920
Qy	4921	TTATGTTTGTGTGACTGAGGCCCACTACAACTGTGTACTGATGATGCTATGCTCTCC	4980
Db	4921	TTATGTTTGTGTGACTGAGGCCCACTACAACTGTGTACTGATGATGCTATGCTCTCC	4980
Qy	4981	CAATGACGCAACAAGGTGGACAGAGGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTTCGTG	5040
Db	4981	CAATGACGCAACAAGGTGGACAGAGGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTTCGTG	5040
Qy	5041	GCGCTTGGACGGCGCTGACGCCCTGTCTGTGGCCAGAGCCAGCGAGGTGACCAAGATACCA	5100
Db	5041	GCGCTTGGACGGCGCTGACGCCCTGTCTGTGGCCAGAGCCAGCGAGGTGACCAAGATACCA	5100
Qy	5101	AATGTGCTTCACTGAAATCAATACTCTTGTGGGACACGCCGCACTCGCTGTGGGCTTGAGT	5160
Db	5101	AATGTGCTTCACTGAAATCAATACTCTTGTGGGACACGCCGCACTCGCTGTGGGCTTGAGT	5160
Qy	5161	GGCTATGGCTTATCTAGGCACTTGACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGCGGCGTGTGCTC	5220
Db	5161	GGCTATGGCTTATCTAGGCACTTGACACTTTTGGGCGCACTTGTGTGCGGCGTGTGCTC	5220
Qy	5221	TATTGCATCAGTCCCTTACCCGCTGCTACTGTGCGCCCAAGTGTTGACGAAGAAATCGT	5280
Db	5221	TATTGCATCAGTCCCTTACCCGCTGCTACTGTGCGCCCAAGTGTTGACGAAGAAATCGT	5280
Qy	5281	GGAGGAGTGTGCATATTCATCTTCCCTTGGAGGCCATGTGTGCTGCAATGATTAAGCTGAA	5340
Db	5281	GGAGGAGTGTGCATATTCATCTTCCCTTGGAGGCCATGTGTGCTGCAATGATTAAGCTGAA	5340
Qy	5341	GAGTACATCAACAACAATGAGTCCCTTCACTTGGAAAACGCGCCCTGAAAAAATTAAACAC	5400
Db	5341	GAGTACATCAACAACAATGAGTCCCTTCACTTGGAAAACGCGCCCTGAAAAAATTAAACAC	5400
Qy	5401	CTTTCCTTGGGCTCATGACGTACAACTCCTTGCATATGATAGATATTCGTGTGTTTAACT	5460
Db	5401	CTTTCCTTGGGCTCATGACGTACAACTCCTTGCATATGATAGATATTCGTGTGTTTAACT	5460
Qy	5461	CACCTTACCTGACAAATCCCTTGTGCATCATGCGGTGTGCTTCACTGCGGATATTAAC	5520
Db	5461	CACCTTACCTGACAAATCCCTTGTGCATCATGCGGTGTGCTTCACTGCGGATATTAAC	5520
Qy	5521	CCCACTACCTCAACAAGATCAAAATGTCCTGTGCATTAATTGGAGGCGCAATTGCGTCCAA	5580
Db	5521	CCCACTACCTCAACAAGATCAAAATGTCCTGTGCATTAATTGGAGGCGCAATTGCGTCCAA	5580
Qy	5581	GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTGCAATGATGCGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCT	5640
Db	5581	GCTTACAGACGCTAGAGGCGCACTGGCGTTGCAATGATGCGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCT	5640
Qy	5641	TGTATCATGACATGCGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAAGCGGCTATGCTCCGCTC	5700
Db	5641	TGTATCATGACATGCGTGGGTTTTGTCTTTGACATGCTAAGCGGCTATGCTCCGCTC	5700
Qy	5701	ATCCACTGCTGCTGACATTTAAATGCTGATGGGTGAGTGGCCCACTATGATACAGCT	5760
Db	5701	ATCCACTGCTGCTGACATTTAAATGCTGATGGGTGAGTGGCCCACTATGATACAGCT	5760
Qy	5761	TGCTGTGTTAGTCTACTCCGCGTTCAATCCGCGCAGAGAGTGTGGGCGTCTTGTACG	5820
Db	5761	TGCTGTGTTAGTCTACTCCGCGTTCAATCCGCGCAGAGAGTGTGGGCGTCTTGTACG	5820
Qy	5821	TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAAACAGACAGGCGCAATCACTGGCCCAACAGATTCTTAC	5880
Db	5821	TTGTGCAATGTTTGTCTTTGACAAACAGACAGGCGCAATCACTGGCCCAACAGATTCTTAC	5880
Qy	5881	TATGCTGTAGAGCAACATGATATGATAGTACTTATATGGCACTGCTGACATCCG	5940
Db	5881	TATGCTGTAGAGCAACATGATATGATAGTACTTATATGGCACTGCTGACATCCG	5940

Db	5881	TATGCTTGCATAGAGCAACCTGTAATGTAATGAGTACTTTATGGCACTCGTGACATCCG	5940
Qy	5941	CAGGAAGTACTGGGCATTCTTGAGAGCATCTAACCCCTGGAGTGCATATCAGCTTGAT	6000
Db	5941	CAGGAAGTACTGGGCATTCTTGAGAGCATCTAACCCCTGGAGTGCATATCAGCTTGAT	6000
Qy	6001	CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATTGGCGCTCATTTGCTTGGGGTCTAAGAT	6066
Db	6001	CCGTTGGCTCCACACCCCGACGAGAGATGATTGGCGCTCATTTGCTTGGGGTCTAAGAT	6066
Qy	6061	TTGGCAGTATGATGSCAAATTTCTTTGTGATTTGCTTAAATGCTCTTAAGCTGGAGTTCA	6120
Db	6061	TTGGCAGTATGATGSCAAATTTCTTTGTGATTTGCTTAAATGCTCTTAAGCTGGAGTTCA	6120
Qy	6121	GAGCATGGTTAA CATTCTGTGGTGTCTCTTCTACAGCTGCCAGAGGGGTACAAGGGCCC	6180
Db	6121	GAGCATGGTTAA CATTCTGTGGTGTCTCTTCTACAGCTGCCAGAGGGGTACAAGGGCCC	6180
Qy	6181	CTGGAATTGGATCAGGTATGCTTCCAAAGCAGCTGTCTCATGCGGTGTGAACCTCATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGGAATTGGATCAGGTATGCTTCCAAAGCAGCTGTCTCATGCGGTGTGAACCTCATCTTTTC	6240
Qy	6241	TGTTGAGATGGTTTGTGCAAACTTTACAAAGAACCCAGAACTTGTTCAAAATTA CTGGAG	6300
Db	6241	TGTTGAGATGGTTTGTGCAAACTTTACAAAGAACCCAGAACTTGTTCAAAATTA CTGGAG	6300
Qy	6301	AGGGGCTGTCCAGTCAACGCGTAGGCTGTGTGGGTCCGCTAGACCCGACCCAACTGATTTG	6360
Db	6301	AGGGGCTGTCCAGTCAACGCGTAGGCTGTGTGGGTCCGCTAGACCCGACCCAACTGATTTG	6360
Qy	6361	GACTTGTCTTGTCCGTCATTAATATGGCGTTAGGAGCTACTGTAAATATGAAATTTGGAGAG	6420
Db	6361	GACTTGTCTTGTCCGTCATTAATATGGCGTTAGGAGCTACTGTAAATATGAAATTTGGAGAG	6420
Qy	6421	TCACATTTTGTATACAGAGATATCCTCCAAATGTCGTTTCAOCCAGGCGCCCCCAAC	6480
Db	6421	TCACATTTTGTATACAGAGATATCCTCCAAATGTCGTTTCAOCCAGGCGCCCCCAAC	6480
Qy	6481	CTTGAGAGCTCAGTGGCGCGTGTGACGCGGCTGACAGTTCAAGTTATCTAGGTGAGCCCA	6540
Db	6481	CTTGAGAGCTCAGTGGCGCGTGTGACGCGGCTGACAGTTCAAGTTATCTAGGTGAGCCCA	6540
Qy	6541	AACTTCCTTGGACGACATCTGCTGTGTTACGGTCTGACGGTAAAGGTAAACTGTTTAA	6600
Db	6541	AACTTCCTTGGACGACATCTGCTGTGTTACGGTCTGACGGTAAAGGTAAACTGTTTAA	6600
Qy	6601	GCTTCCCTTCGCGGTTGAGCGGTACACACCTGGTGTGGGCAATGCACTTAAATTTTGGCGTA	6660
Db	6601	GCTTCCCTTCGCGGTTGAGCGGTACACACCTGGTGTGGGCAATGCACTTAAATTTTGGCGTA	6660
Qy	6661	TGCACTTGAGCAAAATGACTGTAAATTCACAAACAACACTCTTATGATGAGAGCCGAGT	6720
Db	6661	TGCACTTGAGCAAAATGACTGTAAATTCACAAACAACACTCTTATGATGAGAGCCGAGT	6720
Qy	6721	GTCGCGCTTGTTTTCAAAACAGAGTTGGCGGCTGACAAACAATTTGCTTGAAGCAATTTTC	6780
Db	6721	GTCGCGCTTGTTTTCAAAACAGAGTTGGCGGCTGACAAACAATTTGCTTGAAGCAATTTTC	6780
Qy	6781	AGCTGGCGTTGACACACCAAACTGCAAGCCCTTCATTCGAAAGAGTATGATGTAAGAAA	6840
Db	6781	AGCTGGCGTTGACACACCAAACTGCAAGCCCTTCATTCGAAAGAGTATGATGTAAGAAA	6840
Qy	6841	GCGCAGATCCGGGCAAGAACTGGTGTGACTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCGCC	6900
Db	6841	GCGCAGATCCGGGCAAGAACTGGTGTGACTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCGCC	6900
Qy	6901	AGGAGTGTCAATGCTCTGAAAGCTTGCAACGAAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT	6960
Db	6901	AGGAGTGTCAATGCTCTGAAAGCTTGCAACGAAGTGAACCGTTAGAAAGTCTTCAAACT	6960
Qy	6961	CCCTCTTTCACACACTGTCTTAACAGTTGGCATGCGCATGCCCCCTGTTTGGAGCGGGTGA	7020
Db	6961	CCCTCTTTCACACACTGTCTTAACAGTTGGCATGCGCATGCCCCCTGTTTGGAGCGGGTGA	7020

OY	7021	GTTGTAACCCCTTCACTGCATATTGGATGTGCATAGCGAAACAGCGGAGGCCCTTGATGA	7088
Db	7021	GTTGTAACCCCTTCACTGCATATTGGATGTGCATAGCGAAACAGCGGAGGCCCTTGATGA	7088
OY	7081	TTTTACCAGTAGTACCCTCCCAAAGAGAGGTCCTGGAANTGTGACAGCAAGAATTGGTGCAC	7140
Db	7081	TTTTACCAGTAGTACCCTCCCAAAGAGAGGTCCTGGAANTGTGACAGCAAGAATTGGTGCAC	7140
OY	7141	GCGCTAACACCGTTTCCAGACTACGTTTACTAGCGCCCCCGTCGACCTTAAGATACCGGGAAAAGGA	7200
Db	7141	GACTACAAACCGGTTTCCAGACTACGTTTACTAGCGCCCCCGTCGACCTTAAGATACCGGGAAAAGGA	7200
OY	7201	TTTCCACTAGTACAGTACCGCCCTTACAAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTAGTT	7260
Db	7201	TTTCCACTAGTACAGTACCGCCCTTACAAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTAGTT	7260
OY	7261	TTTCGTGACAGCATGAGCTACACTCCTGGAACCGAGTGAATTAGCTTCAAAACGTGTTCTTAAGT	7320
Db	7261	TTTCGTGACAGCATGAGCTACACTCCTGGAACCGAGTGAATTAGCTTCAAAACGTGTTCTTAAGT	7320
OY	7321	TCTGTCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTGTTCTCTCAACAAGATCATTTGGTGTATGT	7380
Db	7321	TCTGTCTGCAACTCGGGGCATCACTAGTGTGTTCTCTCAACAAGATCATTTGGTGTATGT	7380
OY	7381	GACTGAGCCGCGGGATGCGAGCTTTAGAAAAAATAAGTCACTTTAATAGACAACCTCT	7440
Db	7381	GACTGAGCCGCGGGATGCGAGCTTTAGAAAAAATAAGTCACTTTAATAGACAACCTCT	7440
OY	7441	GTTCCCCCATCATACCAACAGCAAGTGAATTTGGCTTAAGAAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	7500
Db	7441	GTTCCCCCATCATACCAACAGCAAGTGAATTTGGCTTAAGAAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	7500
OY	7501	CGGATGTCATGTGGGACTATGATGGAAGTAGAGCTCACACGCGCTCTTAAGTGTGCTAAGTC	7560
Db	7501	CGGATGTCATGTGGGACTATGATGGAAGTAGAGCTCACACGCGCTCTTAAGTGTGCTAAGTC	7560
OY	7561	CCAACATCATGAGCCTTGGGGCACTGATGTTTCGTTCTGAGACACCGCGCAAGGCTGTTC	7620
Db	7561	COACATCATGAGCCTTGGGGCACTGATGTTTCGTTCTGAGACACCGCGCAAGGCTGTTC	7620
OY	7621	GGACTTGCAGAAAGTGTGTCAGAGGAGTGAGATCCAGATCATTTATCGGCAAACTGTGAT	7680
Db	7621	GGACTTGCAGAAAGTGTGTCAGAGGAGTGAGATCCAGATCATTTATCGGCAAACTGTGAT	7680
OY	7681	AGTTCCAAAGAGGAGGCTTTCGAGGAACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
Db	7681	AGTTCCAAAGAGGAGGCTTTCGAGGAACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAG	7740
OY	7741	GCTTATCTCGTACCCTCCACCTTGAATAGATGTGTTGAGAGAGATGTACTACGTCAGGT	7800
Db	7741	GCTTATCTCGTACCCTCCACCTTGAATAGATGTGTTGAGAGAGATGTACTACGTCAGGT	7800
OY	7801	TGCTTCCTGACGTAGTTAAAGCTGTCAATGAGGAGATGCGTACGGGTTTGTCCACCCACTAC	7860
Db	7801	TGCTTCCTGACGTAGTTAAAGCTGTCAATGAGGAGATGCGTACGGGTTTGTCCACCCACTAC	7860
OY	7861	CCGGTCAAGGCTGTGTTTCGATGTGTGTAACCCGATGCAAGTCGAGTCGACATCGCATAC	7920
Db	7861	CCGGTCAAGGCTGTGTTTCGATGTGTGTAACCCGATGCAAGTCGAGTCGACATCGCATAC	7920
OY	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACATCAACCCGAGAGATATCATGGTGTGAGACAGACATCTTACTC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTTGACAGTACATCAACCCGAGAGATATCATGGTGTGAGACAGACATCTTACTC	7980
OY	7981	AGCAGCTTAACTCAGTACCAACACCGAGCTGGCATTTCAACCAATTGCGAGGACGATTATA	8040
Db	7981	AGCAGCTTAACTCAGTACCAACACCGAGCTGGCATTTCAACCAATTGCGAGGACGATTATA	8040
OY	8041	CGCTGTGAGAGCCGATGATTCGCTTATGATGTGCCCGAGAGATTCGGATATGTGTAGTGTAGSTC	8100
Db	8041	CGCTGTGAGAGCCGATGATTCGCTTATGATGTGCCCGAGAGATTCGGATATGTGTAGTGTAGSTC	8100

Db 121 GTAGCGCGGGAGCTCATGACCGCTGCGTGAATGACAAAGCCCAAGCTTGATGGATGCG 180
Qy 181 CCTGATGGCGCTTACATGAGGTGCTGATGCTGATGGCGCTTACAGAGCTTCCAGCCCA 240
Db 181 CCTGATGGCGCTTACATGAGGTGCTGATGCTGATGGCGCTTACAGAGCTTCCAGCCCA 240
Qy 241 CCTCCAGATGAGCGCGCGCACTGTAGGGAAGACCGGGACCGGTCACTTACCAAGAGAG 300
Db 241 CCTCCAGATGAGCGCGCGCACTGTAGGGAAGACCGGGACCGGTCACTTACCAAGAGAG 300
Qy 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCCCTCCGGAGTATGTTGGGAGACCCCACTATATGCT 360
Db 301 CAGACCTCTTTTGTAGTATCAGCCCTCCGGAGTATGTTGGGAGACCCCACTATATGCT 360
Qy 361 TGGGATGTTGGGGTTAGCCATTCATACCGTACTGCTGATAGGGCTCTTGGGAGGAGT 420
Db 361 TGGGATGTTGGGGTTAGCCATTCATACCGTACTGCTGATAGGGCTCTTGGGAGGAGT 420
Qy 421 CTGGGAGTCTCGTACCGGTAGCAATGCTGTTATTTCTACTCAAAAGTCTGTAC 480
Db 421 CTGGGAGTCTCGTACCGGTAGCAATGCTGTTATTTCTACTCAAAAGTCTGTAC 480
Qy 481 TGGCCCAAGACGCGCAAGACAGAGAGCGAGGCTTATATCTCTGTCCATTTAAAC 540
Db 481 TGGCCCAAGACGCGCAAGACAGAGAGCGAGGCTTATATCTCTGTCCATTTAAAC 540
Qy 541 ATCTGTTGAAAGGGGCAACAGAGCAAGGCAAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTCGTA 600
Db 541 ATCTGTTGAAAGGGGCAACAGAGCAAGGCAAAAGTCCAGCGGATGCTCGGCTCGTA 600
Qy 601 TTACAAAATTTGCTGTATCATGATGCTTGCAGACATTTGGCTCAGGCTCTTTGCCAGC 660
Db 601 TTACAAAATTTGCTGTATCATGATGCTTGCAGACATTTGGCTCAGGCTCTTTGCCAGC 660
Qy 661 TATATGTTGGGAGCGCAAGACCCCTGCGCATATGCTCGCATCTTTGGAATCTTCTGCA 720
Db 661 TATATGTTGGGAGCGCAAGACCCCTGCGCATATGCTCGCATCTTTGGAATCTTCTGCA 720
Qy 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGTATGTTTACAACCTCAACACCTCTAGTAGGCGCGCTGGT 780
Db 721 TTACCTTTGGGGTGGATTTGGTATGTTTACAACCTCAACACCTCTAGTAGGCGCGCTGGT 780
Qy 781 GGCAGAGCGGTGCTTGCACAGTCTGCCAGATAGTACGCTTGTGAGAGATGAGTCA 840
Db 781 GGCAGAGCGGTGCTTGCACAGTCTGCCAGATAGTACGCTTGTGAGAGATGAGTCA 840
Qy 841 CTGGGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
Db 841 CTGGGCTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 900
Qy 901 TCCCTGTATGAGGCGCGGGTCACTGACCCAGACAACAAATACACAAATCTGACCAATTG 960
Db 901 TCCCTGTATGAGGCGCGGGTCACTGACCCAGACAACAAATACACAAATCTGACCAATTG 960
Qy 961 CTGCCAGCGTAATCAGGTTATCTATTTCTCTTCCACTTGCCTACAGAGCTGTGTTG 1020
Db 961 CTGCCAGCGTAATCAGGTTATCTATTTCTCTTCCACTTGCCTACAGAGCTGTGTTG 1020
Qy 1021 TGTGATCTGTGCGAGAGAGTCTGGGTTCCGCGCAATCCGTACATCTCAACCTTTCAA 1080
Db 1021 TGTGATCTGTGCGAGAGAGTCTGGGTTCCGCGCAATCCGTACATCTCAACCTTTCAA 1080
Qy 1081 TTGGAATGAGGAGAGAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1140
Db 1081 TTGGAATGAGGAGAGAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1140
Qy 1141 GACCTGTAGCGGCTTTGACATTTGATGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
Db 1141 GACCTGTAGCGGCTTTGACATTTGATGATTTGATGATTTGATGATTTGATGATTTGAT 1200
Qy 1201 GCTTGTAGGAGAGTGTATTCATATGAGTCAATGAACTGATGAACTGATGAACTGATG 1260
Db 1201 GCTTGTAGGAGAGTGTATTCATATGAGTCAATGAACTGATGAACTGATGAACTGATG 1260

Qy 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGAGGTTCTAGAGGTTTATCGGGTGGATGCGCGCAAGT 1320
Db 1261 AGTGCCCACTGGAATAGATCTGAGGTTCTAGAGGTTTATCGGGTGGATGCGCGCAAGT 1320
Qy 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACCAAACTGGCTTCAAGATACATACGATTTGCGACTAT 1380
Db 1321 CGAGGCTGTATCTTCTTGAACCAAACTGGCTTCAAGATACATACGATTTGCGACTAT 1380
Qy 1381 GTTTAGAGTGTACCTACTGGGCTTGGGCTGTGATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
Db 1381 GTTTAGAGTGTACCTACTGGGCTTGGGCTGTGATCTATATGCTCTCGGGGCA 1440
Qy 1441 GTGATCATGTTGCTCTAGGCTTATGCTTATACAGAGGAGCTCTGAAACCTTAT 1500
Db 1441 GTGATCATGTTGCTCTAGGCTTATGCTTATACAGAGGAGCTCTGAAACCTTAT 1500
Qy 1501 CAGGCTGCCCACTGGATGCTCAATAGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1560
Db 1501 CAGGCTGCCCACTGGATGCTCAATAGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1560
Qy 1561 TTGCCACTTATTTGAGTGAAGATGTCAGAAATGTCAGAAATGTCAGAAATGTCAGAA 1620
Db 1561 TTGCCACTTATTTGAGTGAAGATGTCAGAAATGTCAGAAATGTCAGAAATGTCAGAA 1620
Qy 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTATTAACAATCCATATCTTGTATACCCCTATACAAATCC 1680
Db 1621 CAGGCTATCACTCTAGAGTATTAACAATCCATATCTTGTATACCCCTATACAAATCC 1680
Qy 1681 TGGCAGGAGATGATGTTAAATTCAAAATTAACAATGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1740
Db 1681 TGGCAGGAGATGATGTTAAATTCAAAATTAACAATGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1740
Qy 1741 TGTGCATGTATCTGCACTATAGGAGCTGATGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGA 1800
Db 1741 TGTGCATGTATCTGCACTATAGGAGCTGATGAGTGAAGAGTGAAGAGTGAAGAGTGA 1800
Qy 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCATGCTTAAACCAACCGCATAGGCTGCTGCTGCTGCTG 1860
Db 1801 CGAAGTATGCGGTGTAAACCATGCTTAAACCAACCGCATAGGCTGCTGCTGCTGCTG 1860
Qy 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCCTGAGTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Db 1861 ATTGGCTATATTAACAATCCCTGAGTAAAGAAATGTTAAACCTCATATTTGATGTC 1920
Qy 1921 AGGCAATTTGATTTTGGAGATCAATACCTTATATGTTTATTTGATGATGATGATG 1980
Db 1921 AGGCAATTTGATTTTGGAGATCAATACCTTATATGTTTATTTGATGATGATGATG 1980
Qy 1981 TTCCACTCTCTTACCAACCGAGAGGCTGATAGTTCGCGGTACCCCACTGTGTAG 2040
Db 1981 TTCCACTCTCTTACCAACCGAGAGGCTGATAGTTCGCGGTACCCCACTGTGTAG 2040
Qy 2041 TGTGTTCTGTTTACAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTATGTAAGAAAGCTGACCAAG 2100
Db 2041 TGTGTTCTGTTTACAGGTTCCGCAAGGTTTACAGTATGTAAGAAAGCTGACCAAG 2100
Qy 2101 ATTGATCAACAAAGCAAGGCTGGAATAATTAAGGCTTATATTTCCGCAAGGCTG 2160
Db 2101 ATTGATCAACAAAGCAAGGCTGGAATAATTAAGGCTTATATTTCCGCAAGGCTG 2160
Qy 2161 TTTGCTCTTACGAGGATTAACCAAGGCTGATGCTATTTCTGTTGGGTTGTG 2220
Db 2161 TTTGCTCTTACGAGGATTAACCAAGGCTGATGCTATTTCTGTTGGGTTGTG 2220
Qy 2221 CAGCAAGATATTTTATAGCTTACTGTTACTTGTCTTGTGTTGGGCGCTTC 2280
Db 2221 CAGCAAGATATTTTATAGCTTACTGTTACTTGTCTTGTGTTGGGCGCTTC 2280
Qy 2281 TGTGTTACCTTTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2340
Db 2281 TGTGTTACCTTTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2340

QY 2341 TTTGTCTAAAGCTCAAGTAGCTCTTTTGCTTGAATTTCTTCATCTGTGTGCTATCCG 2400
| | | | |
Db 2341 TTTGTCTAAAGCTCAAGTAGCTCTTTTGCTTGAATTTCTTCATCTGTGTGCTATCCG 2400
QY 2401 CTGCAGGCTACGTTAATGCTGCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCAATGCTGCCGGCTTGGCCCT 2460
| | | | |
Db 2401 CTGCAGGCTACGTTAATGCTGCCCTTTTAAAGGTTTGTGCCAATGCTGCCGGCTTGGCCCT 2460
QY 2461 AACTTTCTTTTGTGACAGAGCTGTGCCCAACAGATTATGACTGTGTGGTGTGACTGTCT 2520
| | | | |
Db 2461 AACTTTCTTTTGTGACAGAGCTGTGCCCAACAGATTATGACTGTGTGGTGTGACTGTCT 2520
QY 2521 AATGGAGAGGTTAAGTTTGTGGGCGCGGTAAACCGTGTGACCCGATAGCTGTCTGT 2580
| | | | |
Db 2521 AATGGAGAGGTTAAGTTTGTGGGCGCGGTAAACCGTGTGACCCGATAGCTGTCTGT 2580
QY 2581 AAGTCTTTGGGCTCTGTGACGCTTTTAAACCTCTTGACTTTGTGTACCGCTGTCTACG 2640
| | | | |
Db 2581 AAGTCTTTGGGCTCTGTGACGCTTTTAAACCTCTTGACTTTGTGTACCGCTGTCTACG 2640
QY 2641 TTTTGTATCCGAGATAATTGAGAGGCTGACAAATACCACTGTATGATGCAATAGTGTCA 2700
| | | | |
Db 2641 TTTTGTATCCGAGATAATTGAGAGGCTGACAAATACCACTGTATGATGCAATAGTGTCA 2700
QY 2701 GTCTCGTTTGTGCTTTTGTGCTCACTTGTTAACCTGTGTGCTTTAGTTAAGCTCATCT 2760
| | | | |
Db 2701 GTCTCGTTTGTGCTTTTGTGCTCACTTGTTAACCTGTGTGCTTTAGTTAAGCTCATCT 2760
QY 2761 TTGGCAACGTGGGAGAAATTGTTTGAACGTTACATAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
| | | | |
Db 2761 TTGGCAACGTGGGAGAAATTGTTTGAACGTTACATAAGACCGGAGAGGTTTTCCT 2820
QY 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGCGACATAATGACGCTGTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
| | | | |
Db 2821 TGTGCTGTTTGTTCCTCCGCTGCGACATAATGACGCTGTGTGACTTTCTGTGTGTCA 2880
QY 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCCAGTGCAGATGCTTTGGAGACGTAAGAGGT 2940
| | | | |
Db 2881 CGTAGCTCTTCTATGTTTAAATCCAGTGCAGATGCTTTGGAGACGTAAGAGGT 2940
QY 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGGTGCCTCGGAAAGTGTCAATGCTGTATTTCTATATGT 3000
| | | | |
Db 2941 TAGGGCCATAGAAATGTTGGTGCCTCGGAAAGTGTCAATGCTGTATTTCTATATGT 3000
QY 3001 TCTTAAAGTTTCTCTTAAAGTGTGAGAAATGTTGTCTTCTATTAAGACATTGCA 3060
| | | | |
Db 3001 TCTTAAAGTTTCTCTTAAAGTGTGAGAAATGTTGTCTTCTATTAAGACATTGCA 3060
QY 3061 TGTGTATGCTTCCCTAAATGATTTTGTCTGAAACTATCACTGCAAGAGCATTTTCC 3120
| | | | |
Db 3061 TGTGTATGCTTCCCTAAATGATTTTGTCTGAAACTATCACTGCAAGAGCATTTTCC 3120
QY 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGGCTATAGAAATGAAGAAAGACGCTGTGGCGTGTGGGACAC 3180
| | | | |
Db 3121 TTTTGAAGGCAAGGAGGCTATAGAAATGAAGAAAGACGCTGTGGCGTGTGGGACAC 3180
QY 3181 GGTGTATGTTTCCCGCTGTTCGCGCTCTCGGCGACTTGTTTTGTGCAAGGTTGTCTAT 3240
| | | | |
Db 3181 GGTGTATGTTTCCCGCTGTTCGCGCTCTCGGCGACTTGTTTTGTGCAAGGTTGTCTAT 3240
QY 3241 GCGGCCAGATGGGTGGGCCATTACCGGACTTTTAAAGCTGACAGTGTCTCTGAAGTGG 3300
| | | | |
Db 3241 GCGGCCAGATGGGTGGGCCATTACCGGACTTTTAAAGCTGACAGTGTCTCTGAAGTGG 3300
QY 3301 CAGGCTGTCAAGCATGGCAATGTGTGATGATGCTGTGATGACCCCGAATCTTGGACTGGAAC 3360
| | | | |
Db 3301 CAGGCTGTCAAGCATGGCAATGTGTGATGATGCTGTGATGACCCCGAATCTTGGACTGGAAC 3360
QY 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGCGCACTAGACTATGAGGATTTGTGTGACAAACGTTT 3420
| | | | |
Db 3361 TATCTTCAGATTAGATCTCTGCGCACTAGACTATGAGGATTTGTGTGACAAACGTTT 3420
QY 3421 GTATACGTCTCAACATGAGCAAGGAGGCGCGGTGTGCTCATTCGCCAAGGCTCTATACA 3480
| | | | |

Db 3421 GTATACGTCTCAACATGAGCAAGGAGGCGCGGTGTGCTCATTCGCCAAGGCTCTATACA 3480
| | | | |
QY 3481 CCCAATTAACCGTTAGACGGGCTTAATGACCAAGACATCTATCAACCAACCAATGTGGAGCTGG 3540
| | | | |
Db 3481 CCCAATTAACCGTTAGACGGGCTTAATGACCAAGACATCTATCAACCAACCAATGTGGAGCTGG 3540
QY 3541 GTCCCTTACTGAGTCTCTTGGGAGAGACAAAGGGATCTGTGTACACAGACTGGGGTTC 3600
| | | | |
Db 3541 GTCCCTTACTGAGTCTCTTGGGAGAGACAAAGGGATCTGTGTACACAGACTGGGGTTC 3600
QY 3601 AATGTTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGTGGGAGGCTTCCAT 3660
| | | | |
Db 3601 AATGTTGAGGTCAACAAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGTGGGAGGCTTCCAT 3660
QY 3661 GGCTGTGTCAGAGGTTCTTCAAGGTGCCCAATCTGTGTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
| | | | |
Db 3661 GGCTGTGTCAGAGGTTCTTCAAGGTGCCCAATCTGTGTCTCTCCGGGCAATGTTATGG 3720
QY 3721 GATGTTCAACCGCTGTAGAAATTTGTGGGCTTCAGTCAAGTCAAGATTAGGGTTAGGCGTT 3780
| | | | |
Db 3721 GATGTTCAACCGCTGTGTAGAAATTTGTGGGCTTCAGTCAAGTCAAGATTAGGGTTAGGCGTT 3780
QY 3781 GGTGTGTGTGATACCATCCCAAGTACACAGACATGCACTTGTATCAAAACCTTAC 3840
| | | | |
Db 3781 GGTGTGTGTGATACCATCCCAAGTACACAGACATGCACTTGTATCAAAACCTTAC 3840
QY 3841 TGTGCTTAACAGATATTCAAGTCAAAATTTATGCCCCCACTGGAGGCGCAAGTCAAC 3900
| | | | |
Db 3841 TGTGCTTAACAGATATTCAAGTCAAAATTTATGCCCCCACTGGAGGCGCAAGTCAAC 3900
QY 3901 CAAATTAACCACTTCTTACATGACAGAGAAATGATAGGCTTGTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
| | | | |
Db 3901 CAAATTAACCACTTCTTACATGACAGAGAAATGATAGGCTTGTGTCTTAAATCCAGTGT 3960
QY 3961 GGCTACAAAGCATCAATGCCAAAGTACATGACCGGAGTGAATCCAAATTG 4020
| | | | |
Db 3961 GGCTACAAAGCATCAATGCCAAAGTACATGACCGGAGTGAATCCAAATTG 4020
QY 4021 CTATTTTAAATGCAATGTAACCAACAGGGCTTACTTAAAGTACAGCAATATGCAAT 4080
| | | | |
Db 4021 CTATTTTAAATGCAATGTAACCAACAGGGCTTACTTAAAGTACAGCAATATGCAAT 4080
QY 4081 GTACCTGACCGAGACATGTTCCGGAATATGATGTAATCATTTGTGTGACGAATGCCATGC 4140
| | | | |
Db 4081 GTACCTGACCGAGACATGTTCCGGAATATGATGTAATCATTTGTGTGACGAATGCCATGC 4140
QY 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATTGAAAGTCTTAAACGAAAGTCCATCCAAAA 4200
| | | | |
Db 4141 TACCGATGCAACCAACCGTGTGGGCAATTGAAAGTCTTAAACGAAAGTCCATCCAAAA 4200
QY 4201 TGTTAGGCTAATGTTCTTGTCCACGCTACCCCCCTGGAGTAAATCCCTACACCATGTC 4260
| | | | |
Db 4201 TGTTAGGCTAATGTTCTTGTCCACGCTACCCCCCTGGAGTAAATCCCTACACCATGTC 4260
QY 4261 CAAATTAACGATTCATTAATTAACGATGAAGGACATACCTTTCATGGAAGAAAGAT 4320
| | | | |
Db 4261 CAAATTAACGATTCATTAATTAACGATGAAGGACATACCTTTCATGGAAGAAAGAT 4320
QY 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGCTTACAAAAACAATG 4380
| | | | |
Db 4321 TAAAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGCTTACAAAAACAATG 4380
QY 4381 TGAATGACTTGTCTAACGAGTGTAGCTGAAAGGAAATTAACGCTGTCTTAACTATAGGGG 4440
| | | | |
Db 4381 TGAATGACTTGTCTAACGAGTGTAGCTGAAAGGAAATTAACGCTGTCTTAACTATAGGGG 4440
QY 4441 ATGTGACATCTCAAAATCCCTGAGGCGCATGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4500
| | | | |
Db 4441 ATGTGACATCTCAAAATCCCTGAGGCGCATGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 4500
QY 4501 TACAGGTTACATGTTGATCTTGTATTCGTTATGACTGTGAGGCTTCAATGTTAGAGGAC 4560
| | | | |

Dp	4501	TACACGGGTACACTGGTAGCTTTGATTTCCGTGTATACCTGCACGCTCATGTGTAAAGAAC	4560
Qy	4561	ATGCCATGTTGA	4620
Dp	4561	ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACCTTTGACCAATGGGTGTGTGTGTGCGGGGGTTTCAG	4620
Qy	4561	ATGCCATGTTGACCTTGAACCTTACCTTACCAATGGGTGTGTGTGTGCGGGGGTTTCAGC	4620
Dp	4621	AATGTTTAAAGGCCGATAGGGGGCGGACAGGCCGTGTGGAGAGCTGTGCATTTACTACTA	4680
Qy	4621	AATGTTTAAAGGCCGATAGGGGGCGGACAGGCCGTGTGGAGAGCTGTGCATTTACTACTA	4680
Dp	4621	AATGTTTAAAGGCCGATAGGGGGCGGACAGGCCGTGTGGAGAGCTGTGCATTTACTACTA	4680
Qy	4681	TGTAGACGGGAGTTGTACCCCTTCCGGGTATGGTTCTGAATGCAACATTTGTTGAAGCCTT	4740
Dp	4681	TGTAGACGGGAGTTGTACCCCTTCCGGGTATGGTTCTGAATGCAACATTTGTTGAAGCCTT	4740
Qy	4741	CGACGCAGCCCAAGGCGATGATGTGTGTGTATCAACAGAACTCAATTTCTGGACAC	4800
Dp	4741	CGACGCAGCCCAAGGCGATGATGTGTGTGTATCAACAGAACTCAATTTCTGGACAC	4800
Qy	4801	CTATCGCAACCCAACTGGGTTTACCTGGCATATGAGCAAAATTTGACAGATGGGCTGATCT	4860
Dp	4801	CTATCGCAACCCAACTGGGTTTACCTGGCATATGAGCAAAATTTGACAGATGGGCTGATCT	4860
Qy	4861	CTTTTCTATGGTCAACCCCGAACCCTTCAATTTGTCAATATCTGCACAAAAGAACTGCTGCACAA	4920
Dp	4861	CTTTTCTATGGTCAACCCCGAACCCTTCAATTTGTCAATATCTGCACAAAAGAACTGCTGCACAA	4920
Qy	4921	TTATGTGTTGTTGATCTGCAGCCCACTACAACTGTGCATCAGTATGGCTATGCTGTCTCC	4980
Dp	4921	TTATGTGTTGTTGATCTGCAGCCCACTACAACTGTGCATCAGTATGCTGTCTCTCC	4980
Qy	4981	CAATGACGCACACAGGTGTGCAGGGAGCCGGCTTGGGAAAAA	5040
Dp	4981	CAATGACGCACACAGGTGTGCAGGGAGCCGGCTTGGGAAAAA	5040
Qy	5041	GGCGCTGGACGGCGGTGACGGCTGTGCTGGGCCAGAGGCCAGGCAAGGTGACAAATTTCCA	5100
Dp	5041	GGCGCTGGACGGCGGTGACGGCTGTGCTGGGCCAGAGGCCAGGCAAGGTGACAAATTTCCA	5100
Qy	5101	AATGTGCTTCACTGNAAGTCAATTA	5160
Dp	5101	AATGTGCTTCACTGNAAGTCAATTA	5160
Qy	5161	GGCTATGGCTTATCTGAGCATTTGA	5220
Dp	5161	GGCTATGGCTTATCTGAGCATTTGA	5220
Qy	5221	TATTCGATCAGATCCCTACCGGTGTCACTGTGCGCCCAAGTGGTTTACAGAAAGAAATTCGT	5280
Dp	5221	TATTCGATCAGATCCCTACCGGTGTCACTGTGCGCCCAAGTGGTTTACAGAAAGAAATTCGT	5280
Qy	5281	GGAGAGTGTGCATCATTTATCCCTTGGAGAGCATGGTGTCTGCAATTCGATTAAGTGAA	5340
Dp	5281	GGAGAGTGTGCATCATTTATCCCTTGGAGAGCATGGTGTCTGCAATTCGATTAAGTGAA	5340
Qy	5341	GAGTACAAATCACCAAACTAGTCTTTTCACTTGAGAAACCGCCCTTGAAAACTTAAACAC	5400
Dp	5341	GAGTACAAATCACCAAACTAGTCTTTTCACTTGAGAAACCGCCCTTGAAAACTTAAACAC	5400
Qy	5401	CTTTCTTGGGCTCATGAGCTTAACATTCCTTGCATCATATAGATATTTGCTGTGTTTATGT	5460
Dp	5401	CTTTCTTGGGCTCATGAGCTTAACATTCCTTGCATCATATAGATATTTGCTGTGTTTATGT	5460
Qy	5461	CACCTTACCTGACAAATCCCTTGGATCATATGAGGTGTGCTTCAATTCGAGGATATTAACAC	5520
Dp	5461	CACCTTACCTGACAAATCCCTTGGATCATATGAGGTGTGCTTCAATTCGAGGATATTAACAC	5520
Qy	5521	CCCACTACCTGACAAATCAAAATGTTCTGTCAATTTTGAAGCGCAATTCGCTGCA	5580
Dp	5521	CCCACTACCTGACAAATCAAAATGTTCTGTCAATTTTGAAGCGCAATTCGCTGCA	5580
Qy	5581	GCTTACAGACGCTTAGAGCGCATCTGGGTTTATATATGCGGGGGCTGCGGAAACGCTCT	5640
Dp	5581	GCTTACAGACGCTTAGAGCGCATCTGGGTTTATATATGCGGGGGCTGCGGAAACGCTCT	5640

QY	5661	TGATCAATGGAACAATCGGAGGGTTTGGCTTTGATGAAATGTAAGCGGCTATAGTGGCGCTC	5700
Db	5641	TGGTACATGAGCAATCGGAGGGTTTGGCTTTGATGAAATGTAAGCGGCTATAGTGGCGCTC	5700
QY	5701	ATCCACTGCTGTGCTTGACATTTAATAGCTTGATGGGTGAGGGGCCCACTATGATCAAGCT	5760
Db	5701	ATCCACTGCTGTGCTTGACATTTAATAGCTTGATGGGTGAGGGGCCCACTATGATCAAGCT	5760
QY	5761	TGCTGGTTTAACTCTACTCCGGCTTCAATCCGGCCGAGAGAGTTGTGGCGCTTGTGATCG	5820
Db	5761	TGCTGGTTTAACTCTACTCCGGCTTCAATCCGGCCGAGAGAGTTGTGGCGCTTGTGATCG	5820
QY	5821	TTTGGCAATGTTTTCCTTTGACAAAGAGAGGGCCGATCATCTGGCCCAACAGACTTTTAC	5880
Db	5821	TTTGGCAATGTTTTCCTTTGACAAAGAGAGGGCCGATCATCTGGCCCAACAGACTTTTAC	5880
QY	5881	TATGCTTGCTAGAGAGCAACTGTAATGTAATGAGTACTTTAATGGCACTGGTACATCCG	5940
Db	5881	TATGCTTGCTAGAGAGCAACTGTAATGTAATGAGTACTTTAATGGCACTGGTACATCCG	5940
QY	5941	CAGAGAATACCTGGGCAATCTGAGAGGATCTACCCCTGAGAGTGTCAATACAGCTTGAT	6000
Db	5941	CAGAGAATACCTGGGCAATCTGAGAGGATCTACCCCTGAGAGTGTCAATACAGCTTGAT	6000
QY	6001	CCGTTGGCTCACACCCCGAGAGAGATGATGGCGGCTCATTTGCTGGGCTTAGAGAT	6060
Db	6001	CCGTTGGCTCACACCCCGAGAGAGATGATGGCGGCTCATTTGCTGGGCTTAGAGAT	6060
QY	6061	TTGGCAGTATGTGGAATTTCTTGGATTTGGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGAGTCA	6120
Db	6061	TTGGCAGTATGTGGAATTTCTTGGATTTGGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGAGTCA	6120
QY	6121	GAGCAGGTTTAAACATTCCTGATGTCTCTTCTACAGCTGCAGAGAGGGGTACAAGGGCCC	6180
Db	6121	GAGCAGTATGTTAAACATTCCTGATGTCTCTTCTACAGCTGCAGAGAGGGGTACAAGGGCCC	6180
QY	6181	CTGATATTGATTCAGGTAATGCTCCAAAGACGCTGTCCATGCGGTGTGTAATCTTTTC	6240
Db	6181	CTGATATTGATTCAGGTAATGCTCCAAAGACGCTGTCCATGCGGTGTGTAATCTTTTC	6240
QY	6241	TGTTGGAATATGTTTTGCAAACTTTTACAAGAACCCAGAACTTTTCAATTACTGAG	6300
Db	6241	TGTTGGAATATGTTTTGCAAACTTTTACAAGAACCCAGAACTTTTCAATTACTGAG	6300
QY	6301	AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGGGTGGCTAGAACCCGACCCCATCTGTTG	6360
Db	6301	AGGGGCTGTTCCAGTCAACGCTAGGCTGTGGGTGGCTAGAACCCGACCCCATCTGTTG	6360
QY	6361	GACTAGTCTTGTGTCATTAATATGCGCTTAGGGACTACTGTAAATATGAGAAAAATGGGAGA	6420
Db	6361	GACTAGTCTTGTGTCATTAATATGCGCTTAGGGACTACTGTAAATATGAGAAAAATGGGAGA	6420
QY	6421	TCACATTTTGTGTAACAGCAATATCTCTCCAAATGTCTGTTTACACCAAGTGCCTCCAC	6480
Db	6421	TCACATTTTGTGTAACAGCAATATCTCTCCAAATGTCTGTTTACACCAAGTGCCTCCAC	6480
QY	6481	CTTGAAGAGCTGACGTGGCGGTGAGACGGCGTAACAGTTCAAGTGTATCTAGTGAAGCCAA	6540
Db	6481	CTTGAAGAGCTGACGTGGCGGTGAGACGGCGTAACAGTGTATCTAGTGAAGCCAA	6540
QY	6541	AACCTCCTTGAGACACATCTGCTGTTTACGGTCTCGACGGTAAAGGGTAAACTGTAA	6600
Db	6541	AACCTCCTTGAGACACATCTGCTGTTTACGGTCTCGACGGTAAAGGGTAAACTGTAA	6600
QY	6601	GCTTCCCTTCCGGGTGACGGTCAACACCTGAGTGTGCGATGCACTTAATTGGCTGA	6660
Db	6601	GCTTCCCTTCCGGGTGACGGTCAACACCTGAGTGTGCGCATGCACTTAATTGGCTGA	6660
QY	6661	TGCATTTGAGACAAATGACTGTATTTCCAAACACATCTCTTAATGATGAAAGCCGAGT	6720
Db	6661	TGCATTTGAGACAAATGACTGTATTTCCAAACACATCTCTTAATGATGAAAGCCGAGT	6720

QY	6721	GTCCGCTCTTGTTTCAAAACAGAGTGGCGGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTC	6780
Db	6721	GTCCGCTCTTGTTTCAAAACAGAGTGGCGGCGGTACAAACCAATTCCTTGAAGCAATTC	6780
QY	6781	AGCTGGGGTGAACACCAACCAACGACGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTGGTAAATAA	6840
Db	6781	AGCTGGGGTGAACACCAACCAACGACGCCCTCCATCGAAGAGGTAGTGGTAAATAA	6840
QY	6841	GCGCAGTTCGGGGCAAGAACTGGTTCGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCC	6900
Db	6841	GCGCAGTTCGGGGCAAGAACTGGTTCGCTTACCTTGCTCCCTCCGAGATCCGTCC	6900
QY	6901	AGAGGTGCATGTCTCTGAAAGCTTGCAACGAATGACCCTGTAGAAGTCTTAAACCT	6960
Db	6901	AGAGGTGCATGTCTCTGAAAGCTTGCAACGAATGACCCTGTAGAAGTCTTAAACCT	6960
QY	6961	CCCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTGGCCATGCCCATGCCCTGTGGAGGCGGGTGA	7020
Db	6961	CCCTCTTCAACCACTGTTCTACAGTGGCCATGCCCATGCCCTGTGGAGGCGGGTGA	7020
QY	7021	GTTGTAACCCCTTCACTGCAATTGATGTCATGACGAAACAGCGGAGCCCTGATGA	7080
Db	7021	GTTGTAACCCCTTCACTGCAATTGATGTCATGACGAAACAGCGGAGCCCTGATGA	7080
QY	7081	TTTACCCAGTTAACCTCCCAAAAAGAGGTCTGAAATGTCAAGCGAAAGTTGTCTGAC	7140
Db	7081	TTTACCCAGTTAACCTCCCAAAAAGAGGTCTGAAATGTCAAGCGAAAGTTGTCTGAC	7140
QY	7141	GGCTACAAACGTTTCACTGACGTATCTGGCCCCCGTACCCCTTAAGATACGGGGAAGA	7200
Db	7141	GGCTACAAACGTTTCACTGACGTATCTGGCCCCCGTACCCCTTAAGATACGGGGAAGA	7200
QY	7201	TTCCACTGATGACGCCCCCGCAAAACGAGCTCTACAAAAAAGAAAGTTGGAAAGATGAGTT	7260
Db	7201	TTCCACTGATGACGCCCCCGCAAAACGAGCTCTACAAAAAAGAAAGTTGGAAAGATGAGTT	7260
QY	7261	TTTCGTGACAGATGAGCTTACACCTGGACCGAGCTGATTAGCTTCAAAACCTGCTTAAAGT	7320
Db	7261	TTTCGTGACAGATGAGCTTACACCTGGACCGAGCTGATTAGCTTCAAAACCTGCTTAAAGT	7320
QY	7321	TCTGTCTGCMACTCGGGCATTCACTAGTGGTTTTCTCAAAACCAAGATCATTTGGTGTATGT	7380
Db	7321	TCTGTCTGCMACTCGGGCATTCACTAGTGGTTTTCTCAAAACCAAGATCATTTGGTGTATGT	7380
QY	7381	GACTGAGCGCGGGGATGGCGAGCTTAGAAAAAACAANAAGTCACTATTATATAGCAACCTCT	7440
Db	7381	GACTGAGCGCGGGGATGGCGAGCTTAGAAAAAACAANAAGTCACTATTATATAGCAACCTCT	7440
QY	7441	GTTCCCCCATCATACCAACAAGCAGTAGATGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	7500
Db	7441	GTTCCCCCATCATACCAACAAGCAGTAGATGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGT	7500
QY	7501	CGGTGTCAATGTGGACTATGATGAAGTGCAGCTCACAGCCCTTAAAGTCTGTCTAAGTC	7560
Db	7501	CGGTGTCAATGTGGACTATGATGAAGTGCAGCTCACAGCCCTTAAAGTCTGTCTAAGTC	7560
QY	7561	CCACATCACTGGCCTTCGGGGCAGCTGAATGTTCTGTCTGAGAGGCCCGCAAGGCTGTTCT	7620
Db	7561	CCACATCACTGGCCTTCGGGGCAGCTGAATGTTCTGTCTGAGAGGCCCGCAAGGCTGTTCT	7620
QY	7621	GGACTTTGCAAGATGTGTTCGAGGCGAGTGAAGTACCGAGTCATTATCGGCAAACTGTGAT	7680
Db	7621	GGACTTTGCAAGATGTGTTCGAGGCGAGTGAAGTACCGAGTCATTATCGGCAAACTGTGAT	7680
QY	7681	AGTTCCAAAGAGAGGTCTTGTGTAAGACCCCCCAAGAACCAACAAGAAACCCCAAG	7740
Db	7681	AGTTCCAAAGAGAGGTCTTGTGTAAGACCCCCCAAGAACCAACAAGAAACCCCAAG	7740
QY	7741	GCTTATCTTCGTACCCCAACCTTGAAGATGAGTGTGAAGAGATGTACTACGGTCAAGT	7800
Db	7741	GCTTATCTTCGTACCCCAACCTTGAAGATGAGTGTGAAGAGATGTACTACGGTCAAGT	7800
QY	7801	TGCTCTGTGACGTAGTTAAAGCTGTATGTGAGATCGTACGGGTTTGTAGATCCAGTAC	7860

Db	7801	TCCTCTGACGTAATTAAAGCTGTACATGGAGATGCTACGGGTTTGTCCAGCCACTAC	7860
Qy	7861	CCGCTGCAAGCGCTCTGTGTGCATGTGSGTCAACCCGATGCACTGCGAGCCACATGCGATAC	7920
Db	7861	CCGCTGCAAGCGCTCTGTGTGTGCATGTGSGTCAACCCGATGCACTGCGAGCCACATGCGATAC	7920
Qy	7921	AGTGTGTTTGGACAGTACCATCACACCCGAGGATATCATGTGTGGAGACAGACATCTTACTC	7980
Db	7921	AGTGTGTTTGGACAGTACCATCACACCCGAGGATATCATGTGTGGAGACAGACATCTTACTC	7980
Qy	7981	AGCAGCTAACTCGATACCAACACCGAGCTGGCAATTCACACCATTGCGAGGCGAGTTATA	8040
Db	7981	AGCAGCTAACTCGATACCAACACCGAGCTGGCAATTCACACCATTGCGAGGCGAGTTATA	8040
Qy	8041	CGCTGGAGGACCGATGATTCGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATGTAAGTGTAGTGC	8100
Db	8041	CGCTGGAGGACCGATGATTCGCTTATGATGAGCCGAGAGATCGGATATGTAAGTGTAGTGC	8100
Qy	8101	TTCCGGCGCTATATCTACCTCAAGTTCCAAACAGTTTGACTGCTGGCTGAAGGTAATATGC	8160
Db	8101	TTCCGGCGCTATATCTACCTCAAGTTCCAAACAGTTTGACTGCTGGCTGAAGGTAATATGC	8160
Qy	8161	TGCAGCCGAAAGAGCTGCGATGAAAGAACCTCGCTCTTATTTTGGCGGATGATGAC	8220
Db	8161	TGCAGCCGAAAGAGCTGCGATGAAAGAACCTCGCTCTTATTTTGGCGGATGATGAC	8220
Qy	8221	CGTAAATTTGGAAAGCCCGGAGCAGATGACAAACAAAGCAATGCGTCTTTTGGCTAG	8280
Db	8221	CGTAAATTTGGAAAGCCCGGAGCAGATGACAAACAAAGCAATGCGTCTTTTGGCTAG	8280
Qy	8281	CTGATGAAAGGTATGAGGTGACCAACAAATTTGTGTCTCAACCCAAATACAGTTTGGGA	8340
Db	8281	CTGATGAAAGGTATGAGGTGACCAACAAATTTGTGTCTCAACCCAAATACAGTTTGGGA	8340
Qy	8341	AGAAATTAACATCAGCTCATCAATGTTAACTCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCCTTA	8400
Db	8341	AGAAATTAACATCAGCTCATCAATGTTAACTCTGGAATTAACAAAGTGGCAAGCCTTA	8400
Qy	8401	CTACTTTCTTACAAGAGATCTCGTATCCCTTGGAGGTGCTCTGCGAGGGTCTTGGG	8460
Db	8401	CTACTTTCTTACAAGAGATCTCGTATCCCTTGGAGGTGCTCTGCGAGGGTCTTGGG	8460
Qy	8461	ATPACAAACCCAGTCTGCGGATTTGGGATCTTAAATCATCACTAACCCATGTTTGTGGGT	8520
Db	8461	ATPACAAACCCAGTCTGCGGATTTGGGATCTTAAATCATCACTAACCCATGTTTGTGGGT	8520
Qy	8521	TAGCCGTGTGTTGGCTGTCCATTTCAATGACAAATGCTCTTATAGGACAAATCTCCGA	8580
Db	8521	TAGCCGTGTGTTGGCTGTCCATTTCAATGACAAATGCTCTTATAGGACAAATCTCCGA	8580
Qy	8581	GACGGTGAACCTTTGACGTGTATGGGAAAAATTAATACGGTGCCTGTAGAAAGATCTGCCAG	8640
Db	8581	GACGTGTGAACCTTTGACGTGTATGGGAAAAATTAATACGGTGCCTGTAGAAAGATCTGCCAG	8640
Qy	8641	CATCATTTGCTGTGTGCAACGGTATTTAGGCTTTCTCGGTGTGCGCTACACCAACGCTGA	8700
Db	8641	CATCATTTGCTGTGTGCAACGGTATTTAGGAGCTTTCTCGGTGTGCGCTACACCAACGCTGA	8700
Qy	8701	GATCTTCAAGATTTTCCCAATCACTTAACGAATATGACCAATGCCCCCTCGAGAGCTGGCG	8760
Db	8701	GATCTTCAAGATTTTCCCAATCACTTAACGAATATGACCAATGCCCCCTCGAGAGCTGGCG	8760
Qy	8761	AAAGAAAGCAGAGGCGGTCTTCGACAGCGCAAGAGGCTGGCGGACACACGCAAAATT	8820
Db	8761	AAAGAAAGCAGAGGCGGTCTTCGACAGCGCAAGAGGCTGGCGGACACACGCAAAATT	8820
Qy	8821	GGCTGCTTCTCTCTGCGAATGCTACATCTAGACCTTACACAGATTTGGATTAAGACGAG	8880
Db	8821	GGCTGCTTCTCTCTGCGAATGCTACATCTAGACCTTACACAGATTTGGATTAAGACGAG	8880
Qy	8881	CGTGGCTGCTACACACTTTCAATATTTGATGATTTAACTCCCGAGGGGAGTGTGT	8940
Db	8881	CGTGGCTGCTACACACTTTCAATATTTGATGATTTAACTCCCGAGGGGAGTGTGT	8940

Db 8881 CCGTGGCGGTAACACCACTTCAATTATGTGATGTTACTCCCGGAGGGGAGTGTGTT 8940
Qy 8941 TATTACACACAGAGAAGATTCAGAAAGTTCTTGGAAGTATTTGGCTGTCAATGTTT 9000
Db 8941 TCTTACACAGAGAAGATTCAGAAAGTTCTTGGAAGTATTTGGCTGTCAATGTTT 9000
Qy 9001 TCCCTAGGCGTCAATGCTGTGATTTAGCCATCAGCTGACCCCAATTCAAATTAA 9060
Db 9001 TCCCTAGGCGTCAATGCTGTGATTTAGCCATCAGCTGACCCCAATTCAAATTAA 9060
Qy 9061 CTAACAG---TTT-----TTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGGAGGAGGAGGAGAGAGCC 9116
Db 9061 TTAACAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAAGGAGGAGGAGGAGAGAGCC 9120
Qy 9117 GGGCTTAACGAGCCCGC 9133
Db 9121 GGGCTTAACGAGCCCGC 9137

RESULT 10
US-08-469-260A-11
; Sequence 11, Application US/08469260A
; Patent No. 6451578

GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: JOHN N. SIMONS
APPLICANT: TAMU J. PILOT-MATIAS
APPLICANT: GEORGE J. DAMSON
APPLICANT: GEORGE G. SCHLAIDER
APPLICANT: SURESH M. DESAI
APPLICANT: THOMAS P. LEARY
APPLICANT: ANTHONY SCOTT MUEHROFF
APPLICANT: JAMES C. ERKER
APPLICANT: SHERI L. BUJOK
APPLICANT: ISA K. MUSHAMMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/469,260A
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: FOREMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 11:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 8912 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-469-260A-11

Query Match 92.4%; Score 8684.6; DB 3; Length 8912;

Beat Local Similarity 98.6%; Pred. No. 0;
Matches 8776; Conservative 56; Mismatches 57; Indels 10; Gaps 8;
Qy 196 TGGGTTGGGTGGTGGGCTTTTGGAGAGCTCCAGCGCCACCACTCCAGATAGAGC 255
Db 11 TGGGTTGGGTGGTGGGCTTTTGGAGAGCTCCAGCGCCACCACTCCAGATAGAGC 70
Qy 256 GCGGCACTGTAGAGGAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGGACGAGACCTCTTTTGA 315
Db 71 GCGGCACTGTAGAGGAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGGACGAGACCTCTTTTGA 130
Qy 316 GTATCAAGCTCCGGAAGTATGTTGGGCAAGCCACTATATGTGTTGGAGTGGGGT 375
Db 131 GTATCAAGCTCCGGAAGTATGTTGGGCAAGCCACTATATGTGTTGGAGTGGGGT 190
Qy 376 TAGGATCATACGATACGCTGATAGAGTCTTGGAGGAGGATCTGGAGATCTGTAG 435
Db 191 TAGGATCATACGATACGCTGATAGAGTCTTGGAGGAGGATCTGGAGATCTGTAG 250
Qy 436 ACCGTAGCAGATGCTGTATTTTCTACTCAACAAGTCTGTACCTGCGCCAGAACGG 495
Db 251 ACCGTAGCAGATGCTGTATTTTCTACTCAACAAGTCTGTACCTGCGCCAGAACGG 310
Qy 496 CAAGAACAGAGACGAGGCTTCAATCTGTGTCCATTTAAACATCTGTTGAAGGG 555
Db 311 CAAGAACAGAGACGAGGCTTCAATCTGTGTCCATTTAAACATCTGTTGAAGGG 370
Qy 556 ACAAGAGACAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 615
Db 371 ACAAGAGACAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 430
Qy 616 TATCATGATGAGCTTGCAGATTTGCTCAGAGCTCTTGGCCAGCTCATGTTGGGAGC 675
Db 431 TATCATGATGAGCTTGCAGATTTGCTCAGAGCTCTTGGCCAGCTCATGTTGGGAGC 490
Qy 676 CCAAGAGCTTGCAGATTTGCTCAGAGCTCTTGGCCAGCTCATGTTGGGAGC 735
Db 491 CCAAGAGCTTGCAGATTTGCTCAGAGCTCTTGGCCAGCTCATGTTGGGAGC 550
Qy 736 GATTGTGATGTTTCAATCAATCAACCTCTGATAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 795
Db 551 GATTGTGATGTTTCAATCAATCAACCTCTGATAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAG 610
Qy 796 TCGACAGTCTGCAGATGATGAGCTTCTGAGAGGATGAGTCACTGGAGTGTG 855
Db 611 TCGACAGTCTGCAGATGATGAGCTTCTGAGAGGATGAGTCACTGGAGTGTG 670
Qy 856 GTTGGGTCCAGCTTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 915
Db 671 GTTGGGTCCAGCTTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 730
Qy 916 GCGGCTACTGACCCAGACCAAAATCAACAAATCTGACCAATCTGCGACGATATCA 975
Db 731 GCGGCTACTGACCCAGACCAAAATCAACAAATCTGACCAATCTGCGACGATATCA 790
Qy 976 GATTATCATGTTCTCTCTTCCACTGCTGACAGAGGCTGTTGATGTGCGGA 1035
Db 791 GATTATCATGTTCTCTCTTCCACTGCTGACAGAGGCTGTTGATGTGCGGA 850
Qy 1036 CGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGATATCTCAACCCCTTCAATTGAGCTGACAGGA 1095
Db 851 CGAGTGTGGGTTCCCGCAATCCGATATCTCAACCCCTTCAATTGAGCTGACAGGA 910
Qy 1096 CTCCTTCTGAGTACCAATGATTTGTTATGAGGCGCTCTTGTGACCTGTGAGCGCT 1155
Db 911 CTCCTTCTGAGTACCAATGATTTGTTATGAGGCGCTCTTGTGACCTGTGAGCGCT 970
Qy 1156 TGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1215
Db 971 TGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1030
Qy 1216 GCTTATTCATATGACCTCAATGAACTGATCTGTTACTGAGAGGAGGAGGAGGAGGAG 1275

Db	1031	GCTTATTCACATAGAACCTCAATGAACCTGTACTTTGTAACCTGGAATGCCCTACGAAAT	1090
Oy	1276	AGATTCCTGGGTTCTTAGGGTTTATCTGGGTGGATGGCCGGAAGGTCAGGCTGCATCTT	1335
Db	1091	AGATTCCTGGTTCTTAGGGTTTATCGGGTGAATGGCCGGCAAGGTCCAGGCTGCATCTT	1150
Oy	1336	CTTAGACCAAACTGGCTTTCACAAAGTACCAATACGCTATTGGCATATGTTTAGCAGTGACA	1395
Db	1151	CTTAGACCAAACTGGCTTTCACAAAGTACCAATACGCTATTGGCATATGTTTAGCAGTGACA	1210
Oy	1396	CTACCTGGCGGTTTGGCGCTGTAATCTATATGCTCTCGGGGCAAGTGAATCACTGCT	1455
Db	1211	CTACCTGGCGGTTTGGCGCTGTAATCTATATGCTCTCGGGGCAAGTGAATCACTGCT	1270
Oy	1456	CCTAGCGCTTATGCTTATACATAGAAAGCACTCTGGAACCCCTATCAGAGGCGCCACTGG	1515
Db	1271	CCTAGCGCTTATGCTTATACATAGAAAGCACTCTGGAACCCCTATCAGAGGCGCCACTGG	1330
Oy	1516	ATGCTCAATAGCTGAGTTTTCCTGCGCTTTGATGATATACATATGCTCTTGCCACTTTATTT	1575
Db	1331	ATGCTCAATAGCTGAGTTTTCCTGCGCTTTGATGATATACATATGCTCTTGCCACTTTATTT	1390
Oy	1576	GAGTGAAGAAATGTGCAGAAAGTCAATTTGTTAATAGTCCAAAGTGACCAAGGCTTACTACT	1635
Db	1391	GAGTGAAGAAATGTGCAGAAAGTCAATTTGTTAATAGTCCAAAGTGACCAAGGCTTACTACT	1450
Oy	1636	AGAGTATATCAACTCCATATCTTGGTACCCCTATATACATCCCTGATCGAGGGAGATGAT	1695
Db	1451	AGAGTATATBAACCTCCATATCTTGGTACCCCTATATCAATCCCTGATCGAGGGAGATGAT	1510
Oy	1696	GATTAAATTCAAAAATTAACACATGGGGTTGCTGCGGTATTCGCAATGTGCCATGCTATCTG	1755
Db	1511	GATTAAATTCAAAAATTAACACATGGGGTTGCTGCGG-INTGCAATGTGCCATGCTATCTG	1569
Oy	1756	CACATATGGGCACTGATGCAATGTGGAAGCACTTCGCAACCTTACCAAGTATGCGGTGT	1815
Db	1570	CACATATGGGCACTGATGCAATGTGGAAGCACTTCGCAACCTTACCAAGTATGCGGTGT	1629
Oy	1816	AACACCAATGGCTAAACAAACCGCATGGGCAACACGGCTCAGCCCTGAAATTGGCTATATTA	1875
Db	1630	AACACCAATGGCTAAACAAACCGCATGGGCAACACGGCTCAGCCCTGAAATTGGCTATATTA	1689
Oy	1876	ATACCTTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGATATGTCAAGGCCATTTGTATTT	1935
Db	1690	ATACCTTGGGCTTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATATGATATGTCAAGGCCACTTGTATTT	1749
Oy	1936	TGAGGGATCAATATACCCCTATATGTTTACTTTTATATGACCCCTGTGAATTCACATCTCCAC	1995
Db	1750	TGAGGGATCAATATACCCCTATATGTTTACTTTTATATGACCCCTGTGAATTCACATCTCCAC	1809
Oy	1996	ACCGGAGAGGTGGGCTAGTATGGCCCGGATACCCACCTGTGGAAGTGTCTTGGTATACA	2055
Db	1810	ACCGGAGAGGTGGGCTAGTATGGCCCGGATACCCACCTGTGTAGTGTGTTCTTGGTTACA	1869
Oy	2056	GGTTCGGAAGGGTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTACCAACAGATTTGATACCAAGA	2115
Db	1870	GGTTCGGAAGGGTTTACAGTATGTGAAGAAGCTTACCAACAGATTTGATACCAAGA	1928
Oy	2116	CAAAAGCTGGAAGAAATATATCAAGTCTTATATTCGCGCACGGGTCTTTGTCTTTACGGG	2175
Db	1929	CAAAAGCTGGAAGAAATATATCAAGTCTTATATTCGCGCACGGGTCTTTGTCTTTACGGG	1988
Oy	2176	AGTTACCAACAAAGGCGGTGGTCAATCTGTGGGGTTGTGTGGCAGACAAGTATCTTAT	2235
Db	1989	AGTTACCAACAAAGGCGGTGGTCAATCTGTGGGGTTGTGTGGCAGACAAGTATCTTAT	2048
Oy	2236	TTTACCTTACCTCTGTATCTTGTCCCTTGTGTTTGGGCGCCTTCTGGTTACCCCTTGGC	2295
Db	2049	TTTACCTTACCTCTGTATCTTGTCCCTTGTGTTTGGGCGCCTTCTGGTTACMCTTTCG	2108
Oy	2296	TCCTGTGCTCCATCCCAAGTGTATCTCCAAAGTGGCTGGGATGTTTGTCTTAAAGCTCA	2355
Db	2109	TCCTGTGCTCCATCCCAAGTGTATCTCCAAAGTGGCTGGGATGTTTGTCTTAAAGCTCA	2168

QY	2356	AGTAGCTCTTTTGCTTGTGATTTTCTTACATCTGTGCTACATCTCGCTGACAGGCTACGTTA	2415
Db	2169	AGTAGCTCTTTTGCTTGTGATTTTCTTACATCTGTGCTACATCTCGCTGACAGGCTACGTTA	2228
QY	2416	TGCGACCTTTTAGGGTTTGCGCCATGAGCGCGGGCTGCGCCCTTACTTTCTTGTGTGC	2475
Db	2229	TGCTGCGCTTTTAGGGTTTGCGCCATGAGCGCGGGCTGCGCCCTTACTTTCTTGTGTGC	2288
QY	2476	AGCAGCTGCTGCCCAACCAATTAATGACTGCTGGGTGCGACTGCTAGTGGCAGGGTTAGT	2535
Db	2289	AGCAGCTGCTGCCCAACCAATTAATGACTGCTGGGTGCGACTGCTAGTGGCAGGGTTAGT	2348
QY	2536	TTTGTGGCGCGCGCGTAAACGTGGTCAACCGATAGCTCTGCTGTAGTCTCTTGAGCTCT	2595
Db	2349	TTTGTGGCGCGCGCGTAAACGTGGTCAACCGATAGCTCTGCTGTAGTCTCTTGAGCTCT	2407
QY	2596	GGTAGCGCTTT-TAACCTCTTGTGATTTGGTTACGCGCTGCTTACGCTTTTGATACGAGA	2654
Db	2408	GGTAGCGCTTTTAAACCTCTTGTGATTTGGTTACGCGCTGCTTACGCTTTTGATACGAGA	2466
QY	2655	TAAATGGAAGGCTCAACAATACCACTGTAGAGATTAATGTGCANATCTCGTTTGGCT	2714
Db	2467	TAAATGGAAGGCTCAACAATACCACTGTAGAGATTAATGTGTGATATCTCTGTTTGGCT	2526
QY	2715	TCTTTGCTCACTTGTATCTGCTGCTGCTGTAGTTAACTCCTATCTTTGGCAAGTGGG	2774
Db	2527	TCTTTGCTCACTTGTATCTGCTGCTGCTGTAGTTAACTCCTATCTTTGGCAAGTGGG	2586
QY	2775	AGAAATGGTTTGGAAAGTTAACAATAAGACCGAGAGGTTTTCCTTGTGCTGTTGTT	2834
Db	2587	AGAAATGGTTTGGAAAGTTTACAATAAGACCGAGAGGTTTTCCTTGTGCTGTTGTT	2646
QY	2835	TCCCCGGGCGCAKATPAGAGCGCGTGGGACTTCTGTGATGTGTCACGTAGCTCTTCTAT	2894
Db	2647	TCCCCGGGCGCAKATPAGAGCGCGTGGGACTTCTGTGATGTGTCACGTAGCTCTTCTAT	2706
QY	2895	GTTTAAATCAGTGCAGACATCGTTCTTTTGGAGCTGACTCTAGGGTTAAGGCCCATAGAA	2954
Db	2707	GTTTAAATCAGTGCAGACATCGTTCTTTTGGAGCTGACTCTAGGGTTAAGGCCCATAGAA	2766
QY	2955	TGTTGTGCGCTCTCGGAAAGTGTACGTGTGTAATCTCATTAATGTTCTTAAGTTTTCC	3014
Db	2757	TGTTGTGCGCTCTCGGAAAGTGTACGTGTGTAATCTCATTAATGTTCTTAAGTTTTCC	2828
QY	3015	TCTTAGTGTGTGTAGAGATGTTGTTTTCTATTAAGCACTTGACATGATGATGCTTGC	3074
Db	2827	TCTTAGTGTGTGTGTAGAGATGTTGTTTTCTATTAAGCACTTGACATGATGATGCTTGC	2886
QY	3075	CTAATGATTTTGGCTCGAACTAACCTATGCAAGGCCATTTTTCCCTTTTGAAGCCAGG	3134
Db	2887	CTAATGATTTTGGCTCGAACTAACCTATGCAAGGCCATTTTTCCCTTTTGAAGCCAGG	2946
QY	3135	CAAGGGCTAATAGGAATAGAGAAAGACGCTTGGCGTGGGAGACACGGTTATGTTGTC	3194
Db	2947	CAAGGGCTAATAGGAATAGAGAAAGACGCTTGGSKGTGGGAGACACGGTTATGTTGTS	3006
QY	3195	CCGTTGTGCGCGTCTCGGCGACCTTGTGTTTGCAGAGGTTGGCTATGTCGCGCAATGGGT	3254
Db	3007	SCGTTGTGCGCGTCTCGGCGACCTTGTGTTTGCAGAGGTTGGCTATGTCGCGCAATGGGT	3066
QY	3255	GGGCGCATTAACCGCACTTTTAACGTGCGAGTGTCTCTGAAACGTGGACGCGTGCAGGA	3314
Db	3067	GGGCGCATTAACCGCACTTTTAACGTGCGAGTGTCTCTCTGAAACGTGGACGCGTGCAGGA	3126
QY	3315	TGGCAGTGTGATGACTGTATAGACCCCGCAACTTGGACTGGAATATCTTTCAGATTAG	3374
Db	3127	TGGCAGTGTGATGACTGTATAGACCCCGCAACTTGGACTGGAATATCTTTCAGATTAG	3186
QY	3375	GATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACAAAGTGTGTATATCTGCTAC	3433
Db	3187	GATCTCTGCGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACAAAGTGTGTATATCTGCTAC	3246

Db 5407 GAGRCGACTGCGTTGATGATGGCCGGGGCTGYGGGAACAGCTCTTGTTACATGGACAT 5466
Qy 5655 CGGTGGGTTTGTCTTTGACATGTAAGCGGCTATGCTGCGCTCATCACTGCTTGT 5714
Db 5467 CGGTGGGTTTGTCTTTGACATGTAAGCGGCTATGCTGCGCTCATCACTGCTTGTCT 5526
Qy 5715 TGAATTAAAGCTTGAATGGGAGTGGCCCATATGGAATGAGCTTGTGGTTAAGTCT 5774
Db 5527 TGAATTAAAGCTTGAATGGGAGTGGCCCATATGGAATGAGCTTGTGGTTAAGTCT 5586
Qy 5775 ACTCGCGTTTCATCCGCGCGAGAGAGTGGGCGTCTTGTCAAGCTTGTGCAATGTTG 5834
Db 5587 ACTCCCGTTTCATCCGCGCGAGAGAGTGGGCGTCTTGTCAAGCTTGTGCAATGTTG 5646
Qy 5835 CTTTGAACAACAGAGGGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTACTATGCTTGAAGA 5894
Db 5647 CTTTGAACAACAGAGGGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTACTATGCTTGAAGA 5706
Qy 5895 GCAACACTGTATGTATGAGTACTTTATTTGCCATCTGTGACATCCGAGGAAGATCTGG 5954
Db 5707 GCAACACTGTATGTATGAGTACTTTATTTGCCATCTGTGACATCCGAGGAAGATCTGG 5766
Qy 5955 GCATTTGAGAGCATCTACCCCTGAGAGTCAATCAGCTTGCACTCCGTTGGCTCCACA 6014
Db 5767 GCATTTGAGAGCATCTACCCCTGAGAGTCAATCAGCTTGCACTCCGTTGGCTCCACA 5826
Qy 6015 CCCCAGCGAAGATGATGGCGCTCATTTGCGGGCTCTAGAGATTGGCAGATGTGT 6074
Db 5827 CCCCAGCGAAGATGATGGCGCTCATTTGCGGGCTCTAGAGATTGGCAGATGTGT 5886
Qy 6075 GCAATTTCTTTGATATTTGCTTTAATGTCCTTAAACGTGAGATGAGACATGGTTAACA 6134
Db 5887 GCAATTTCTTTGATATTTGCTTTAATGTCCTTAAACGTGAGATGAGACATGGTTAACA 5946
Qy 6135 TTCCGTGTTGCTCTTCTACAGCTGCAGAAAGGGGTACAAGGGCCCTCGAATTGATCAG 6194
Db 5947 TTCCGTGTTGCTCTTCTACAGCTGCAGAAAGGGGTACAAGGGCCCTCGAATTGATCAG 6006
Qy 6195 GTATGCTCCAAGCAGCTGTCCATGCGGTCGTAACCTCACTTTTCTGTTGAAATGTT 6254
Db 6007 GTATGCTCCAAGCAGCTGTCCATGCGGTCGTAACCTCACTTTTCTGTTGAAATGTT 6066
Qy 6255 TTGCAAACTTTTACAAGGACCCAGAACTTGTCAAACTTACGTGAGAGGGGCTGTTCCAG 6314
Db 6067 TTGCAAACTTTTACAAGGACCCAGAACTTGTCAAACTTACGTGAGAGGGGCTGTTCCAG 6126
Qy 6315 TCAACGCTAAGGCTGTGTGGTCCGCTAGACCCGAGCCCACTGAATGGAAGTCTGTGCG 6374
Db 6127 TCAACGCTAAGGCTGTGTGGTCCGCTAGACCCGAGCCCACTGAATGGAAGTCTGTGCG 6186
Qy 6375 TCAATTAATGAGCGTTAAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGGAGATCACATTTTGTTA 6434
Db 6187 TCAATTAATGAGCGTTAAGGAGCTACTGTAAATATGAGAAATGGAGATCACATTTTGTTA 6246
Qy 6435 CAGCAGATTCCTTCCAAAATGTCTGTTTACCCAGAGTCCGCCAACCTTGAAGGCTGAG 6494
Db 6247 CAGCAGATTCCTTCCAAAATGTCTGTTTACCCAGAGTCCGCCAACCTTGAAGGCTGAG 6306
Qy 6495 TGGCCGTGAGCGGCGTACAGAGTTCAAGTGTATCTAAGTGAAGCCCAAAATCTTGTGACGA 6554
Db 6307 TGGCCGTGAGCGGCGTACAGAGTTCAAGTGTATCTAAGTGAAGCCCAAAATCTTGTGACGA 6366
Qy 6555 CATCTGCTTGTCTGTACGCTCTGACGAGTAAAGGGTAAACTGTAAAGCTTCCCTTCCGCG 6614
Db 6367 CATCTGCTTGTCTGTACGCTCTGACGAGTAAAGGGTAAACTGTAAAGCTTCCCTTCCGCG 6426
Qy 6615 TTTAAGCTGACACACCTGAGTGTGAGATGCACTTAATTTGCGTATGCACTTGAAGCAA 6674
Db 6427 TTTAAGCTGACACACCTGAGTGTGAGATGCACTTAATTTGCGTATGCACTTGAAGCAA 6486
Qy 6675 ATGACTGTAAATTCACAAACAACTCTAGTATGAGAGCCGAGTGTCCGCTTGTGTT 6734
Db 6487 ATGACTGTAAATTCACAAACAACTCTAGTATGAGAGCCGAGTGTCCGCTTGTGTT 6546

Qy 6735 TCAACAGAGATGTGGGCTACAAACAAATTTGTTGAGGCAATTTCAAGCTGGCGTTGACA 6794
Db 6547 TCAACAGAGATGTGGGCTACAAACAAATTTGTTGAGGCAATTTCAAGCTGGCGTTGACA 6606
Qy 6795 CCACAAACTGGCAGCCCTCTCC--ATCGAAGAGTATGTGTAAAGAAAGCCAGATTCC 6851
Db 6607 CCACAAACTGGCAGCCCTCTCCAGATCGAAGAGTATGTGTAAAGAAAGCCAGATTCC 6666
Qy 6852 GGGCAAGAACTGTGCTTACCTTTGCTCTCCCTCCCGAGATCCGTTCCAGAGATGTCAAT 6911
Db 6667 GGGCAAGAACTGTGCTTACCTTTGCTCTCCCTCCCGAGATCCGTTCCAGAGATGTCAAT 6726
Qy 6912 GTTCCGAAAGCCTGGAAGAGTGAACCGTTAAGAAAGTCTTCAAACTCCCTCCCTGAC 6971
Db 6727 GTTCCGAAAGCCTGGAAGAGTGAACCGTTAAGAGTCTTCAAACTCCCTCTTCCAC 6786
Qy 6972 CACTGTCTACAGTTGGCCATGCGCATGCCCCCTGTGGAGCGGGTGAAGTAAACCTT 7031
Db 6787 CACTGTCTACAGTTGGCCATGCGCATGCCCCCTGTGGAGCAAGTGAAGTAAACCTT 6846
Qy 7032 TCACTGCAATTGATGTGCAATGACCCGAACAGCGGAGGCCCTGATATTTAACCAATT 7091
Db 6847 TCACTGCAATTGATGTGCAATGACCCGAACARGVGAGKCCCMAXRATTTAACCAATT 6906
Qy 7092 ACCCTCCCAAAAAGAGGTCTGTAATGGTTCAGACGAAGTGTGTGACGAGTACAAACG 7151
Db 6907 ACCCTCCCAAAAAGAGGTCTGTAATGGTTCAGACGAAGTGTGTGACAGTACAAACG 6966
Qy 7152 TTTCCAGCTACGTTACTGCGCCCCCGTACCTTAAGTACGCGGAAAGATTCCTCACT 7211
Db 6967 TTTCCAGCTACGTTACTGCGCCCCCGTACCTTAAGTACGCGGCAAGATTCCTCACT 7026
Qy 7212 CAGCCCCGCGCAACGCGCTTACAAAAGAAAGTTGGAAAGAGTGTGTTGTTGTCAGCA 7271
Db 7027 CAGCCACGCGCAAAAGCGCTTACAAAAGAAAGTTGGAAAGAGTGTGTTGTTGTCAGCA 7086
Qy 7272 TTAGCTACACCTGGACCCGACGATGTTAGCTTCAAACTGCTTCAAAAGTTCTGTGCAA 7331
Db 7087 TTAGCTACACCTGGACCCGACGATGTTAGCTTCAAACTGCTTCAAAAGTTCTGTGCAA 7146
Qy 7332 CTGCGGCGCATCACTAGTGTGTTCTTCAACAAAGATCATGTGTATGTGACTGAGCCGC 7391
Db 7147 CTGCGGCGCATCACTAGTGTGTTCTTCAACAAAGATCATGTGTATGTGACTGAGCCGC 7206
Qy 7392 GGGATGCGGAGCTTGAAGAAACAAAGATCAATTAATATGAGAACTCTGTTCCGCCAT 7451
Db 7207 GGGATGCGGAGCTTGAAGAAACAAAGATCAATTAATATGAGAACTCTGTTCCGCCAT 7266
Qy 7452 CATTCACAAAGCAATGAGATGGCTTAAGAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGTGCGTGCATGT 7511
Db 7267 CATTCACAAAGCAATGAGATGGCTTAAGAAAGAAAGCTTCAAAAGTTGTGCGTGCATGT 7326
Qy 7512 GGGACTATGATGAAGTAGAGCTCACAGCCCTCTAAGTCTGTAAAGTCCCAATCACTG 7571
Db 7327 GGGACTATGATGAAGTAGAGCTCACAGCCCTCTAAGTCTGTAAAGTCCCAATCACTG 7286
Qy 7572 GCCTTGCGGCGCACTGATGTTGTTCTGTGAGCAGCCCGCAAGGCTGTTCTGGAATTGCA 7631
Db 7387 GCCTTGCGGCGCACTGATGTTGTTCTGTGAGCAGCCCGCAAGGCTGTTCTGGAATTGCA 7446
Qy 7632 AGTGTGTGAGGCAAGGTGAGATACCGAGTCAATTAAGCAAACTGTGATAGTTCCAAAGG 7691
Db 7447 AGTGTGTGAGGCAAGGTGAGATACCGAGTCAATTAAGCAAACTGTGATAGTTCCAAAGG 7506
Qy 7692 AGGAGGCTTTCGTGAAGACCCCGCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTCGT 7751
Db 7507 AGGAGGCTTTCGTGAAGACCCCGCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTCGT 7566
Qy 7752 ACCCCCACTTGAATGAGATGTGTTGAGAAATGTAATCAAGGTCAAGTTGCTCTGACG 7811
Db 7567 ACCCCCACTTGAATGAGATGTGTTGAGAAATGTAATCAAGGTCAAGTTGCTCTGACG 7626

QY 7812 TAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGGCTACGGGTTTGTAGATCCAGTACCCGTGTCAAGC 7871
 DB 7627 TAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGGCTACGGGTTTGTAGATCCAGTACCCGTGTCAAGC 7686
 QY 7872 GTCTGTGTGATGTGTGTCAATGGAGATGGCTACGGGTTTGTAGATCCAGTACCCGTGTCAAGC 7931
 DB 7687 GTCTGTGTGATGTGTGTCAATGGAGATGGCTACGGGTTTGTAGATCCAGTACCCGTGTCAAGC 7746
 QY 7932 ACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGATCTACTCAGAGCTTAAC 7991
 DB 7747 ACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGATCTACTCAGAGCTTAAC 7806
 QY 7992 TCAGTACCAACCCGAGATATCAACCATTTGAGAGGAGCTTAACCGTGTGAGAC 8051
 DB 7807 TCAGTACCAACCCGAGATATCAACCATTTGAGAGGAGCTTAACCGTGTGAGAC 7866
 QY 8052 CGATATATGCTTATATATGAGAGATGATGATATCTGTAGTGTGTCTTCCGGCTCT 8111
 DB 7867 CGATATATGCTTATATATGAGAGATGATGATATCTGTAGTGTGTCTTCCGGCTCT 7926
 QY 8112 ATACTACCTCAAGTTCAACAGTTTGAACCTGTGAGAGGTAATGCTGAGCCGAC 8171
 DB 7927 ATACTACCTCAAGTTCAACAGTTTGAACCTGTGAGAGGTAATGCTGAGCCGAC 7986
 QY 8172 AGGCTGAGATGAGAACCTGTCTTCTTATTTGCGGAGATGATGACCCGTAATTTGA 8231
 DB 7987 AGGCTGAGATGAGAACCTGTCTTCTTATTTGCGGAGATGATGACCCGTAATTTGA 8046
 QY 8232 AGAGCGCGGAGAGATGAGAACCAACAGCAATGCTGTCTTGTCTGATGAGAGG 8291
 DB 8047 AGAGCGCGGAGAGATGAGAACCAACAGCAATGCTGTCTTGTCTGATGAGAGG 8106
 QY 8292 TGATGGGTGACCAACAGATTTGTGCTCAACCCAAATPACATTTGAGAGATTAACAT 8351
 DB 8107 TGATGGGTGACCAACAGATTTGTGCTCAACCCAAATPACATTTGAGAGATTAACAT 8166
 QY 8352 CATGCTCATCAATTTTACTCTGTGAAATTAACAAAGTGTGAGAGCTTACTTCTTGA 8411
 DB 8167 CATGCTCATCAATTTTACTCTGTGAAATTAACAAAGTGTGAGAGCTTACTTCTTGA 8226
 QY 8412 CAAGAGATCTGTGATTTCCCTTGTGAGAGTGTCTGTGCGAGGCTGTGAGATTAACCCCA 8471
 DB 8227 CAAGAGATCTGTGATTTCCCTTGTGAGAGTGTCTGTGCGAGGCTGTGAGATTAACCCCA 8286
 QY 8472 GTGCTGCGTGTGATTTGAGATCTTAATCACTACCAATTTTGTGAGGTTGCGTGTGT 8531
 DB 8287 GTGCTGCGTGTGATTTGAGATCTTAATCACTACCAATTTTGTGAGGTTGCGTGTGT 8346
 QY 8532 TGCTGTCTCAATTTTCAATGAGAGATGCTTGTGAGAGCAAACTTCCGAGACGCTGACT 8591
 DB 8347 TGCTGTCTCAATTTTCAATGAGAGATGCTTGTGAGAGCAAACTTCCGAGACGCTGACT 8406
 QY 8592 TTGACTGTGTGAGAGAAATTAATACGCTGTGAGAGATGCTTGTGAGAGCAAACTTGTG 8651
 DB 8407 TTGACTGTGTGAGAGAAATTAATACGCTGTGAGAGATGCTTGTGAGAGCAAACTTGTG 8466
 QY 8652 GTGTGAGAGATTTGAGAGCTTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8711
 DB 8467 GTGTGAGAGATTTGAGAGCTTCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8526
 QY 8712 TTTTCCCAATCAATACAGATGACATGACATGACATGACATGACATGACATGACATGACAT 8771
 DB 8527 TTTTCCCAATCAATACAGATGACATGACATGACATGACATGACATGACATGACATGACAT 8586
 QY 8772 GGGCGGCTCTGTGAGCGCAAGAGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8831
 DB 8587 GGGCGGCTCTGTGAGCGCAAGAGCGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8645
 QY 8832 TTTCTGTGAGATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 8891
 DB 8646 TTTCTGTGAGATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAAT 8705
 QY 8892 ACACCACTTCAATATATGT 8951

DB 8706 ACACCACTTCAATATATGT 8764
 QY 8952 AGAGAGATTTGAGAGATTTTGT 9011
 DB 8765 AGAGAGATTTGAGAGATTTTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 8824
 QY 9012 TCATTTGCTGT 9071
 DB 8825 TCATTTGCTGT 8884
 QY 9072 TTTTGT 9090
 DB 8885 TTTTGT 8903

RESULT 11
 US-08-488-446-11
 ; Sequence 11, Application US/08488446
 ; Patent No. 6558898
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: JOHN N. SIMONS
 ; APPLICANT: TAM J. PILOT-MATIAS
 ; APPLICANT: GEORGE J. DAMSON
 ; APPLICANT: GEORGE G. SCHLAUDER
 ; APPLICANT: SURESH M. DESAI
 ; APPLICANT: THOMAS P. LEARY
 ; APPLICANT: ANTHONY SCOTT MUEHRHOF
 ; APPLICANT: JAMES C. ERKER
 ; APPLICANT: SHERI L. BUIJK
 ; TITLE OF INVENTION: ISA K. MUSHAWAR
 ; TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
 ; TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
 ; NUMBER OF SEQUENCES: 716
 ; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
 ; ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
 ; STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
 ; CITY: ABBOTT PARK
 ; STATE: IL
 ; COUNTRY: USA
 ; ZIP: 60064-3500
 ; COMPUTER READABLE FORM:
 ; MEDIUM TYPE: Floppy disk
 ; COMPUTER: IBM PC compatible
 ; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 ; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
 ; CURRENT APPLICATION DATA:
 ; APPLICATION NUMBER: US/08/488,446
 ; FILING DATE:
 ; CLASSIFICATION:
 ; PRIOR APPLICATION DATA:
 ; APPLICATION NUMBER: US/08/424,550
 ; FILING DATE:
 ; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 ; NAME: FOREMSKI, PRISCILLA E.
 ; REGISTRATION NUMBER: 33,207
 ; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
 ; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 ; TELEPHONE: 708-957-6365
 ; TELEFAX: 708-938-2623
 ; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 11:
 ; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 ; LENGTH: 8912 base pairs
 ; TYPE: nucleic acid
 ; STRANDEDNESS: single
 ; TOPOLOGY: linear
 ; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 ; US-08-488-446-11
 Query Match 92.4%; Score 8684.6; DB 3; Length 8912;
 Best Local Similarity 98.6%; Pred. No. 0;
 Matches 8776; Conservative 56; Mismatches 57; Indels 10; Gaps 8;

QY	196	TGGTGTGGTGTGTGTGTGCGCTTTAGAGCAGCTTCCAGCCCACTCTCCAGATAGAGC	255
Db	11	TGGGTGTGGTGTGTGTGTGCGCTTTAGAGCAGCTTCCAGCCCACTCTCCAGATAGAGC	70
QY	256	GGCGGCACTGTAGAGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGCGAGACCTCTTTTGA	315
Db	71	GGCGGCACTGTAGAGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGCGAGACCTCTTTTGA	130
QY	316	GTATCACGCTCCGGAAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTAATATGTGTGGATGTGTGGAGT	375
Db	131	GTATCACGCTCCGGAAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTAATATGTGTGGATGTGTGGAGT	190
QY	376	TAGCCATTCATACCGTACTGTGCTGTATAGAGTCTTTGCGAGGGGAGTCTGGAGTCTGTAG	435
Db	191	TAGCCATTCATACCGTACTGTGCTGTATAGAGTCTTTGCGAGGGGAGTCTGGAGTCTGTAG	250
QY	436	ACCGTAGACATGTGCTGTATTTTCTACTCAACAAGTCTGTACTCGGCGCCAGAAAGCG	495
Db	251	ACCGTAGACATGTGCTGTATTTTCTACTCAACAAGTCTGTACTCGGCGCCAGAAAGCG	310
QY	496	CAAGAACAGAGAGACGAGGCTTCAATACCTGTGTCAATTAAACATCTGTGAAAGAGG	555
Db	311	CAAGAACAGAGAGACGAGGCTTCAATACCTGTGTCAATTAAACATCTGTGAAAGAGG	370
QY	556	ACAAAGACAAAGCGCAAAAGTCCAGCGGAGTCTGCGCTCTGTAAATTACAAATTTCTGG	615
Db	371	ACAAAGACAAAGCGCAAAAGTCCAGCGGAGTCTGCGCTCTGTAAATTACAAATTTCTGG	430
QY	616	TATCCATATAGGCTTTCAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTGGCACTCATAGTTGGGAGCG	675
Db	431	TATCCATATAGGCTTTCAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTGGCACTCATAGTTGGGAGCG	490
QY	676	CCAAGACCCTGGCCATAAGTCTCGCAATCTTGGAAATCCTTGTGATTAACCTTTGGGGGTG	735
Db	491	CCAAGACCCTGGCCATAAGTCTCGCAATCTTGGAAATCCTTGTGATTAACCTTTGGGGGTG	550
QY	736	GATTGTGATGTTAACAATCAACAACCTTAGTAGGCCCGGTGTGTGCGAGAGCGTCTGT	795
Db	551	GATTGTGATGTTAACAATCAACAACCTTAGTAGGCCCGGTGTGTGCGAGAGCGTCTGT	610
QY	796	TGCACCACTTCGCGAATAGTACGTTTCTGTGTGAGAGATGGAATTCACATGGGCTACTCGGTG	855
Db	611	TGCACCACTTCGCGAATAGTACGTTTCTGTGTGAGAGATGGAATTCACATGGGCTACTCGGTG	670
QY	856	GTTTGGGTGCCACTTTTGTGTGTATGTCTGTCTAATCTTTGGGCTGTCCCTGTAGTGGGGC	915
Db	671	GTTTGGGTGTCCACTTTTGTGTGTATGTCTGTCTAATCTTTGGGCTGTCCCTGTAGTGGGGC	730
QY	916	GCGGGTCACTGACCCAGACACAAMATACACAATCTGTGACCAATTTCTGCCAGCGGTATCA	975
Db	731	GCGGGTCACTGACCCAGACACAAMATACACAATCTGTGACCAATTTCTGCCAGCGGTATCA	790
QY	976	GGTTATCTATTTGTCTCTTTCGACTTGGCTTACAGAGCTGTGTGTGTATCTGTGGGGA	1035
Db	791	GGTTATCTATTTGTCTCTTTCGACTTGGCTTACAGAGCTGTGTGTGTATCTGTGGGGA	850
QY	1036	CGAGTGTGGGTTCCCGGCAATCGGTACATCTCACACCCTTCCAAATTTGGACTGGGACGGA	1095
Db	851	CGAGTGTGGGTTCCCGGCAATCGGTACATCTCACACCCTTCCAAATTTGGACTGGGACGGA	910
QY	1096	CTTCTTCTTGGCTGACCAATTTGTTTATATGGGCGCTCTTGTGACTGTGACGCCCT	1155
Db	911	CTTCTTCTTGGCTGACCAATTTGTTTATATGGGCGCTCTTGTGACTGTGACGCCCT	970
QY	1156	TGACATTTGTGATTTGTGTGTGTGTGTGTGTATAGTGTGTGTGACTGTGTGTGCAAGCACTG	1215
Db	971	TGACATTTGTGATTTGTGTGTGTGTGTGTGTATAGTGTGTGTGACTGTGTGTGCAAGCACTG	1030
QY	1216	GCTTATTTACATAGACCTTAATGAAGACCTGTCTTGTATACCTGGAAGTGGCCCACTGAAAT	1275
Db	1031	GCTTATTTACATAGACCTTAATGAAGACCTGTCTTGTATACCTGGAAGTGGCCCACTGAAAT	1090
QY	1276	AATCTCTGGGTTCCTAAGGTTTATCGGGTGTATGTGGGTGTGAGCGGCAAGTGTGAGCTGTATCTT	1335

D	b	1091	AGATCTGGGTTCTTAGGGTTTATCGGATGATGCGCGAAGGTCCAGGCTGTGATCTT	1150
Q	y	1336	CTTACCAAACTGGCTTTCACAAAGTACCATAGCTATTTGCGATATGTTTAGCAGTGTACA	1395
D	b	1151	CTTACCAAACTGGCTTTCACAAAGTACCATAGCTATTTGCGATATGTTTAGCAGTGTACA	1210
Q	y	1396	CTTACCTGGCGGTTTGCGCTGTGATCTTACTATATGCTCTTCGCGGCAAGTGTATGATTTGCT	1455
D	b	1211	CTACTGGCGGTTTGCGCTGTGATCTTACTATATGCTCTTCGCGGCAAGTGTATGATTTGCT	1270
Q	y	1456	CCTTAGCGCTTATGCTTATACATAGAAAGGACCTCTGGAACCCCTATCAGGGTGCCCATCTG	1515
D	b	1271	CTTAGCGCTTATGCTTATACATAGAAAGGACCTCTGGAACCCCTATCAGGGTGCCCATCTG	1330
Q	y	1516	ATGCTCAATAGCTGATGTTTGCTGCGCTTTGATATACATATGCTTGCACCTGTATTT	1575
D	b	1331	ATGCTCAATAGCTGATGTTTGCTGCGCTTTGATATACATATGCTTGCACCTGTATTT	1390
Q	y	1576	GAGTGAGATGTGTACAGATGATCTTTGTTTACAGTTCAAATGTGACCAAGGCTTATCATCT	1635
D	b	1391	GAGTGAGATGTGTACAGATGATCTTTGTTTACAGTTCAAATGTGACCAAGGCTTATCATCT	1450
Q	y	1636	AGAGTATATACACTCCATATCTGTGTAACCCCTATACATCCCTGTGTGAGAGGATGTAT	1695
D	b	1451	AGAGTATATATATCTCCATATCTGTGTAACCCCTATACATCCCTGTGTGAGAGGATGTAT	1510
Q	y	1696	GATTAAATTCAAAATAATACATATGAGGGGTGTGTCGCGTATTTGCAATGTCCATGTACTG	1755
D	b	1511	GATTAAATTCAAAATAATACATATGAGGGGTGTGTCGCG - WMTGGCAATGTGTCATGTACTG	1569
Q	y	1756	CATATATGGGCACTGATGATGATGTGTGGAACGACATCTGCGAACCTTACGAAGTATGCGGT	1815
D	b	1570	CATATATGGGCACTGATGATGATGTGTGGAACGACATCTGCGAACCTTACGAAGTATGCGGT	1629
Q	y	1816	AACACCAATGCTATCAACCGGATGCGACCAAGGCTCAGGCTCGTGAATTTGGCTATATTACA	1875
D	b	1630	AACACCAATGCTATCAACCGGATGCGACCAAGGCTCAGGCTCGTGAATTTGGCTATATTACA	1688
Q	y	1876	ATACCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTGACGCCATTGTATTT	1935
D	b	1690	ATACCTGGGTCTAAAGAAATGTTTAAACCTCATATTTGATGTGACGCCATTGTATTT	1749
Q	y	1936	TGAGGGATCAGATACCCCTATATGTTTACTTTTATGACCCCTGTGAATTCACCTCTCCATAC	1999
D	b	1750	TGAGGGATCAGATACCCCTATATGTTTACTTTTATGACCCCTGTGAATTCACCTCTCCATAC	1805
Q	y	1996	ACCGGAGAGGTGTGGCTAGTGTGCGCGGATACCCCATGTGTGATGATGCTGTGCTGATACA	2055
D	b	1810	ACCGGAGAGGTGTGGCTAGTGTGCGCGGATACCCCATGTGTGATGATGCTGTGCTGATACA	1867
Q	y	2056	GGTTCGCGAAGGTTTTCAGTGTATGTGAAGAAGCTTACGCCACAGGATTTGATCCAAAGA	2115
D	b	1870	GGTTCGCGAAGGTTTTCAGTGTATGTGAAGAAGCTTACGCCACAGGATTTGATCCAAAGA	1922
Q	y	2116	CAAAAGCTGGAAGAAATATACAGGTCTTATATTCGCGCACAGGGTGTCTTCTTTAGCGG	2177
D	b	1929	CAAAAGCTGGAAGAAATATATACAGGTCTTATATTCGCGCACAGGGTGTCTTCTTTAGCGG	1988
Q	y	2176	AGTTTACCAACCAAGGCGGTGTGTCTTATCTGTGTGGGTTGTGTGACACAAAGTATCTTAT	2233
D	b	1989	AGTTTACCAACCAAGGCGGTGTGTCTTATCTGTGTGGGTTGTGTGACACAAAGTATCTTAT	2044
Q	y	2236	TTTAACTTACCTCTGTACTTGTCCCTTGTGTTTGGGCGCGCTTGTGTTTACCTTTTGG	2295
D	b	2049	TTTAACTTACCTCTGTACTTGTCCCTTGTGTTTGGGCGCGCTTGTGTTTACMCTTTGG	2108
Q	y	2296	TCCTGTGTCCCATCCCAAGTGTATCTCCAAAGTGTGCGGATGTGTTGTCTTAAAGCTCA	2355
D	b	2109	TCCTGTGTCCCATCCCAAGTGTATCTCCAAAGTGTGCGGATGTGTTGTCTTAAAGCTCA	2166
Q	y	2356	AGTACTCTCTTTTGTGTTTATTTCTTATCTGTGATCTGCTGCTGACAGGCTACGTTA	2415

Db	2169	AGTACTCMTTTCGTTTGATTTTCCTTATCTGTTCGATCTCCGCTGCAGGCACTGTA	2228
Qy	2416	TGCTGECCTTTTAAAGGCTTTGTGCCATGCGCTGCAGGCTTGCCCTTA	2475
Db	2229	TGCTGCCCTTTTAAAGGCTTTGTGCCATGCGCTGCAGGCTTGCCCTTA	2288
Qy	2476	AGCAGCTCTGCCCAACAGATTTAAGATCGGGGGGTGAGCTCGTAGTGGGAGGTTAGT	2535
Db	2289	AGCAGCTCTGCCCAACAGATTTAAGATCGGGGGGTGAGCTCGTAGTGGGAGGTTAGT	2348
Qy	2536	TTTGTGGCCGGCCGCTTAA	2593
Db	2349	TTTGTGGCCGGCCGCTTAA	2407
Qy	2586	GGTAGCGCTTTTAA	2654
Db	2408	GGTAGCGCTTTTAA	2466
Qy	2655	TAATTGGAGGGCTGACATTAACCACTGATAGTAAAGATTTAGTCTGCTTTGGCT	2714
Db	2467	TAATTGGAGGGCTGACATTAACCACTGATAGTAAAGATTTAGTCTGCTTTGGCT	2526
Qy	2715	TCTTTGCTCATCTGTTTAACTCGCTGTGCTTTAGTTAACTCCATCTTTGGCAAGTTGGG	2774
Db	2527	TCTTTGCTCATCTGTTTAACTCGCTGTGCTTTAGTTAACTCCATCTTTGGCAAGTTGGG	2586
Qy	2775	AGAAATGGTTTGGAAAGCTTACACTAAGACCGAGAGGGTTTTCCTGTGCTGGTTGGT	2834
Db	2587	AGAAATGGTTTGGAAAGCTTACACTAAGACCGAGAGGGTTTTCCTGTGCTGGTTGGT	2646
Qy	2835	TCCCCCGGTGCACATATAGACCGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTGACAGTACTCTTCTAT	2894
Db	2647	TCCCCCGGTGCACATATAGACCGCTGTGACTTTCTGTGTGTGTGACAGTACTCTTCTAT	2706
Qy	2885	GTTTTAAACATCAGATGACAGTACGTTCTTTTGGGACGTACCTAGAGGTTTAAAGGCCATAGAA	2954
Db	2707	GTTTTAAACATCAGATGACAGTACGTTCTTTTGGGACGTACCTAGAGGTTTAAAGGCCATAGAA	2766
Qy	2955	TGTTTGTCGCTCTCGGAAAGTGTCAATGCTTGTATCTCATATATGTTCTTAAGTTTTC	3014
Db	2767	TGTTTGTCGCTCTCGGAAAGTGTCAATGCTTGTATCTCATATATGTTCTTAAGTTTTC	2826
Qy	3015	TCTTAGTGTGTGGTGAAGATGTGTGTTTTCTATAGCACTTGATGTATGTCTTGC	3074
Db	2827	TCTTAGTGTGTGGTGAAGATGTGTGTTTTCTATAGCACTTGATGTATGTCTTGC	2886
Qy	3075	CTAATGATTTTGGCCTCGAACTACCACTTGAAGAGCACTTTTCCCTTTGAAGGCAAG	3134
Db	2887	CTAATGATTTTGGCCTCGAACTACCACTTGAAGAGCACTTTTCCCTTTGAAGGCAAG	2946
Qy	3135	CAAGGCTCTATAGGAATGAGGAAGACCTTGGGCTGTGGGAGACACGGTTATGATGTTGC	3194
Db	2947	CAAGGCTCTATAGGAATGAGGAAGACCTTGGGCTGTGGGAGACACGGTTATGATGTTGS	3006
Qy	3195	CCGTTGTTCGCGCTCTCGGCACTTGTTTTGCAGAGGTTGGCTATGTCCGCAATGGGT	3254
Db	3007	SCGTGTGTCGCGCTCTCGGCACTTGTTTTGCAGAGGTTGTACTATGCGCCCAATGGGT	3066
Qy	3255	GGGCACTTACCGGACCTTTTACGCTGCAAGTGTCTCTGAAACGTGGGACGCTGTCAAGGA	3314
Db	3067	GGGCACTTACCGGACCTTTTACGCTGCAAGTGTCTCTGAAACGTGGGACGCTGTCAAGGA	3126
Qy	3315	TGGCAGTGTATATAGTATGATATGTAAGACCCGCAACTTGGACTGTAAGTCTTTCAGATTAG	3374
Db	3127	TGGCAGTGTATATAGTATGATATGTAAGACCCGCAACTTGGACTGTAAGTCTTTCAGATTAG	3186
Qy	3375	GATCTCTGGCACTAGCTTACATGAGATTTGTTTGTGCAACGATGTGTATATCTGCTCAC	3434
Db	3187	GATCTCTGGCACTAGCTTACATGAGATTTGTTTGTGCAACGATGTGTATATCTGCTCAC	3246
Qy	3435	ATGTCAGTAAAGGGGCGCGGTTGGCTATCCCAAGGCTCTATATACCCCAATAACGCTTG	3494
Db	3247	ATGTCAGTAAAGGGGCGCGGTTGGCTATCCCAAGGCTCTATATACCCCAATAACGCTTG	3306

QY	3495	ACGGGGCTAATGACACAGAACTATCTAACACACATGAGGCTGGGGCCCTTACTGGT	3554
Db	3307	ACGGGGCTAATGACACAGAACTATCTAACACACATGAGGCTGGGGCCCTTACTGGT	3366
QY	3555	GCTCTTCGGGGAGACCAAGGGGTATCTGGTAAACGACATGGGGTCAATTGGTTGAGTCA	3614
Db	3367	GCTCTTCGGGGAGACCAAGGGGTATCTGGTAAACGACATGGGGTCAATTGGTTGAGTCA	3426
QY	3515	ACAAATCCGATGATGACCTTATTTGGTGTGTGGGGGGCCCTTCCATGGCTGTGCGAAG	3674
Db	3427	ACAAATCCGATGATGACCTTATTTGGTGTGTGGGGGGCCCTTCCATGGCTGTGCGAAG	3486
QY	3675	GTTCTTCAGGTGCCCGCATTCGTGCTCTCCGGGACATGTTATTGGGATGTTCAACCGCTG	3734
Db	3487	GTTCTTCAGGTGCCCGCATTCGTGCTCTCCGGGACATGTTATTGGGATGTTCAACCGCTG	3546
QY	3735	CTAGAAATTTCTGGCGGTTCACTAGTCAATTAAGGGTTAAGGCGGTGTGTGTCTGGAT	3794
Db	3547	CTAGAAATTTCTGGCGGTTCACTAGTCAATTAAGGGTTAAGGCGGTGTGTGTCTGGAT	3606
QY	3795	ACCATCCCGAGTACACAGCACATGCCACTCTGTGATACAAAACCTACTGTGCTACAGAGT	3854
Db	3607	ACCATCCCGAGTACACAGCACATGCCACTCTGTGATACAAAACCTACTGTGCTACAGAGT	3666
QY	3855	ATTCACTGCAAAATTTTAATTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAACCAAAATTACCACTTT	3914
Db	3667	ATTCACTGCAAAATTTTAATTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAACCAAAATTACCACTTT	3726
QY	3915	CTTACATGACGAGGAGAACTATGAGGCTCTGTGCTCTTAATCCAGTGTGGCTACACAGAT	3974
Db	3727	CTTACATGACGAGGAGAACTATGAGGCTCTGTGCTCTTAATCCAGTGTGGCTACACAGAT	3786
QY	3975	CAATGCCCAAAGTACATGCACGCGACGTACGCGGTGAATCCAAATTCGTATTTTATGGCA	4034
Db	3787	CAATGCCCAAAGTACATGCACGCGACGTACGCGCGTGAATCCAAATTCGTATTTTATGGCA	3846
QY	4035	AAATGTACCAACACAGGGGGCTTCACTTAGTACAGACATATGGCATGTACTTGACCGGAG	4094
Db	3847	AAATGTACCAACACAGGGGGCTTCACTTAGTACAGACATATGGCATGTACTTGACCGGAG	3906
QY	4095	CATGTTCCCGGAACTATGATGTATCATTTTGTGCGAATGCGCATGCTACCGTACCAACA	4154
Db	3907	GATGTTCCCGGAACTATGATGTATCATTTTGTGCGAATGCGCATGCTACCGTACCAACA	3966
QY	4155	CCGTGTTGGCATTTGGAAAGTCCCTAACCGAAGCTCCATCCAAAATGTTAGCTAGTGG	4214
Db	3967	CCGTGTTGGCATTTGGAAAGTCCCTAACCGAAGCTCCATCCAAAATGTTAGCTAGTGG	4026
QY	4215	TTCTTGCCAGGCTACCCCCCTGGAGTATTCCTTACACACATGGCCAACTAACCTGAGA	4274
Db	4027	TTCTTGCCAGGCTACCCCCCTGGAGTATTCCTTACACACATGGCCAACTAACCTGAGA	4086
QY	4275	TTCAATTTAACCGATGGAAGCACTATCCCTTTATGAGGAAAGAAATTAAGGAGGAAATC	4334
Db	4087	TTCAATTTAACCGATGGAAGCACTATCCCTTTATGAGGAAAGAAATTAAGGAGGAAATC	4146
QY	4335	TGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACAAAAAAACACTGTGATGAGCTTGCTA	4394
Db	4147	TGAAGAAAGGAGACACTTATCTTTGAGGCTACAAAAAAACACTGTGATGAGCTTGCTA	4206
QY	4395	ACGAGTTAGCTCGAAAGGGGAAATAACAGCTGTCTTCTATPAGGGGATGACATCTCAA	4454
Db	4207	ACGAGTTAGCTCGAAAGGGGAAATAACAGCTGTCTTCTATPAGGGGATGACATCTCAA	4266
QY	4455	AAATCCCTGAGGCGACTGTGTGATGTTGGTCCACTGATGCTTGTGTGACAGGGTACACTG	4514
Db	4267	AAATCCCTGAGGCGACTGTGTGATGTTGGTCCACTGATGCTTGTGTGACAGGGTACACTG	4326
QY	4515	GTTACATTTGATTTCCGTGTATGATCTGACAGCTCATGTGTAAGGACACATGCCATGTTGACC	4574
Db	4327	GTTACATTTGATTTCCGTGTATGATCTGACAGCTCATGTGTAAGGACACATGCCATGTTGACC	4386

4575 TTGAACCTTACTTTTCAACATGGGGTTCGNTGNGGGGGGTTTCAGCAATAGTTAAAGGCC 4634
4387 TTGAACCTTACTTTTCAACATGGGGTTCGNTGNGGGGGGTTTCAGCAATAGTTAAAGGCC 4446
4635 AACGTAGGGGCGCAGAGCCGCTGGAGAGCTGGCATATATCTATGTAGA CCGGAGTT 4694
4447 AACGTAGGGGCGCAGAGCCGCTGGAGAGCTGGCATATATCTATGTAGA CCGGAGTT 4506
4695 GTACCCCTTGGGGTATGTTTCTGTAATGCAACATTTGTGAAGCTTCGACGCGACCAAG 4754
4507 GTACCCCTTGGGGTATGTTTCTGTAATGCAACATTTGTGAAGCTTCGACGCGACCAAG 4566
4755 CATGGAATGGTTTGTATCAACAGAGCTCAACTATTCGTGGACACTATGCAACCAAC 4814
4567 CATGGAATGGTTTGTATCAACAGAGCTCAACTATTCGTGGACACTATGCAACCAAC 4626
4815 CTGGGTTTACCTGGATAGAGAGCAAAATTTGGACAGAGTGGCTGATCTTTTCTATGTGA 4874
4627 CTGGGTTTACCTGGATAGAGAGCAAAATTTGGACAGAGTGGCTGATCTTTTCTATGTGA 4686
4875 ACCCGAACCCTTCAATTTGTCAATATCTGCAGAAAAAGAACTGCTGCAATTAATGTTTGTGA 4934
4687 ACCCGAACCCTTCAATTTGTCAATATCTGCAGAAAAAGAACTGCTGCAATTAATGTTTGTGA 4746
4935 CTGCAGCCCAACTACAGCTGTGCATCAGATGGCTATGCTGCTCCCAATGACGACCAAC 4994
4747 CTGCAGCCCAACTACAGCTGTGCATCAGATGGCTATGCTGCTCCCAATGACGACCAAC 4806
4995 GGTGGACGAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTTCGTGGCGCTTGGACGAGG 5054
4807 GGTGGACGAGGAGCCCGGCTTGGGAAAAAACTTGTGGGGTTCGTGGCGCTTGGACGAGG 4866
5055 CTGACGCTGTCTCTGCGCCAGAGCCCAAGAGGTGACAGATACCAATATGTCTTACTG 5114
4867 GTACGCCCTGTCTGCGCCAGAGCCCAAGAGGTGACAGATACCAATATGTCTTACTG 4926
5115 AACTCAATCTTGTGGAGACAGCGGCACTGCTGTGGCGGCTTGGAGGGCTATGCTTATG 5174
4927 AACTCAATCTTGTGGAGACAGCGGCACTGCTGTGGCGGCTTGGAGGGCTATGCTTATG 4986
5175 TAGCCATTGACATTTTGGGCGCACTTGTGGCGGCTTGGCTATTTGATCAGTCC 5234
4987 TAGCCATTGACATTTTGGGCGCACTTGTGTGGCGGCTTGGCTATTTAATCAGTCC 5046
5235 CTACCGGTGTACTGTGCGCCAGAGGTGACAGAAAGAAATCGTGGAGAGTGTGCAT 5294
5047 CTACCGGTGTACTGTGCGCCAGAGGTGACAGAAAGAAATCGTGGAGAGTGTGCAT 5106
5295 CATTCATTCCTTGGAGGCGCATGGTTGCTGCATTCGATTAAGCTGAAGAGTACATACCA 5354
5107 CATTCATTCCTTGGAGGCGCATGGTTGCTGCATTCGATTAAGCTGAAGAGTACATACCA 5166
5355 CAACTAGTCTTTCACATTTGGAACCGCCCTTGAAAAACTTAAACACTTTCCTTGGGCTC 5414
5167 CAACTAGTCTTTCACATTTGGAACCGCCCTTGAAAAACTTAAACACTTTCCTTGGGCTC 5226
5415 ATGACGTACAAATCTTGTCTATCAATAGAGTATGCTGTGTTTAGTCACTTTAAGTCA 5474
5227 ATGACGTACAAATCTTGTCTATCAATAGAGTATGCTGTGTTTAGTCACTTTAAGTCA 5286
5475 ATGACGTACAAATCTTGTCTATCAATAGAGTATGCTGTGTTTAGTCACTTTAAGTCA 5334
5287 ATGACGTACAAATCTTGTCTATCAATAGAGTATGCTGTGTTTAGTCACTTTAAGTCA 5346
5535 AGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGGAAGCGCAATTCGCTCAAGCTTACAGACGCTA 5594
5347 AGATCAAAATGTTCTGTCTATTAATTTGGAAGCGCAATTCGCTCAAGCTTACAGACGCTA 5406
5595 GAGGCGCACTGGCGTTCATATAGCGCGGCTCTGGGGAACAGCTCTTGGTACATGACAT 5654
5407 GAGGCGCACTGGCGTTCATATAGCGCGGCTCTGGGGAACAGCTCTTGGTACATGACAT 5466
5655 CGGTGGGTTTGTCTTGAATGCTAGCGGCTATGCTGCGGCTATTCACAGCTTGTCT 5714

5467 CGGTGGGTTTGTCTTTCAGATGCTAGCGGCTATGCTGCGGCTCATCACTGCTGTCT 5526
5715 TGACATTTAAATGCTTGAATGGGTAGTGGCCCACTATGGAATAGCTTGTGTTAGTCT 5774
5527 TGACATTTAAATGCTTGAATGGGTAGTGGCCCACTATGGAATAGCTTGTGTTAGTCT 5586
5775 ACTCGGCGTTCAATCCGGCCGAGAGTGTGGGGCTCTGTGACGTTGTGCAATGTTTG 5834
5587 ACTCGGCGTTCAATCCGGCCGAGAGTGTGGGGCTCTGTGACGTTGTGCAATGTTTG 5646
5835 CTTTGACAAACAGCAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTATCTATGCTTGAGA 5894
5647 CTTTGACAAACAGCAGGCGCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTATGCTTGAGA 5706
5895 GCAACACTGTATGTATAGTACTTTATTTGGCACTGTGCAATCCGCGAGGAAGATACG 5954
5707 GCAACACTGTATGTATAGTACTTTATTTGGCACTGTGCAATCCGCGAGGAAGATACG 5766
5955 GCATTCGTGAGGCACTACCCCTGGAAGTGCATATCAGCTTGACATCCGTTGGCTCACA 6014
5767 GCATTCGTGAGGCACTACCCCTGGAAGTGCATATCAGCTTGACATCCGTTGGCTCACA 5826
6015 CCCGACGAGGATGATGCGGCTCATTTGCTTGGGGCTTGAAGATTTGGCAGTATGT 6074
5827 CCCGACGAGGATGATGCGGCTCATTTGCTTGGGGCTTGAAGATTTGGCAGTATGT 5886
6075 GCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGGATTCAGAGACATGCTTAA 6134
5887 GCAATTTCTTGTGATTTGCTTAAATGTCCTTAAAGCTGGATTCAGAGACATGCTTAA 5946
6135 TTCCTGTTGTCCTTTCACAGCTGCAGAGAGGGGCAAGGGCCCTGGAATGATCAG 6194
5947 TTCCTGTTGTCCTTTCACAGCTGCAGAGAGGGGCAAGGGCCCTGGAATGATCAG 6006
6195 GTATGCTCCACAGCAGCTGTCCATGCGGTGCGAACTCATCTTTTCTGTTGAGATGTT 6254
6007 GTATGCTCCACAGCAGCTGTCCATGCGGTGCGAACTCATCTTTTCTGTTGAGATGTT 6066
6255 TTGCAAAACTTTTACAAAGGACCCAGAACCTTGTTCAAATTAATCTGAGAGAGGGCTTCCAG 6314
6067 TTGCAAAACTTTTACAAAGGACCCAGAACCTTGTTCAAATTAATCTGAGAGAGGGCTTCCAG 6126
6315 TCACGCTAGGCGTGTGGGTGCGGCTAGACCGGACCCCACTGATTGGAATGCTTGTG 6374
6127 TCACGCTAGGCGTGTGGGTGCGGCTAGACCGGACCCCACTGATTGGAATGCTTGTG 6186
6375 TCATTTATGCGTGTAGGACCTACTGTAATATGAGAAAAATGAGAGTCACTTTTGTGA 6434
6187 TCATTTATGCGTGTAGGACCTACTGTAATATGAGAAAAATGAGAGTCACTTTTGTGA 6246
6435 CAGCAGTATCTCTCCAAATGTCGTTTCAACCCAGGTGCCCCCAACCTTGAAGCTGACG 6494
6247 CAGCAGTATCTCTCCAAATGTCGTTTCAACCCAGGTGCCCCCAACCTTGAAGCTGACG 6306
6495 TGGCGGTGACGCGCGTACAGGTTTCAGTGTATCTAGGTAGCCCAAACTCTTGGACGA 6554
6307 TGGCGGTGACGCGCGTACAGGTTTCAGTGTATCTAGGTAGCCCAAACTCTTGGACGA 6366
6555 CATTCGCTTGTATTCGCTGCTGACGGTAAAGGTAAATCTGTTAACTTCCCTTCCGG 6614
6367 CATTCGCTTGTATTCGCTGCTGACGGTAAAGGTAAATCTGTTAACTTCCCTTCCGG 6426
6615 TTGACGCTACACACTGCTGTGCGGATGCACTTAAATTTGCGTGTATGCACTTGAACAA 6674
6427 TTGACGCTACACACTGCTGTGCGGATGCACTTAAATTTGCGTGTATGCACTTGAACAA 6486
6675 ATGACTGTAAATTCACAAACACACTCTAGTATGAACCGGACGTCGCTCTTGT 6734
6487 ATGACTGTAAATTCACAAACACACTCTAGTATGAACCGGACGTCGCTCTTGT 6546
6735 TCACACAGAGTGTGCGGCTACAAACCAATTTGCTGAGGCAATTCAGCTGCGTGTGAC 6794

Db 6547 TCAAAACAGGATGTCGGCGCTACAAACCAATTGCTTGAGCAATTTCACTGCGCTTGACA 6606
Qy 6795 CCACCAAACTGCAGACCCCTCC---ATGGAAGAGTAGTGTGAAGAAAGCCAGTTCC 6851
Db 6607 CCACCAAACTGCAGACCCCTCCCAAGTAGAAGAGTAGTGTGAAGAAAGCCAGTTCC 6666
Qy 6852 GGGCAAGAACTGGTGGCTTACCTTGGCTCCCTCCGAGATCCGTCCGAGAGTGTCAAT 6911
Db 6667 GGGCAAGAACTGGTGGCTTACCTTGGCTCCCTCCGAGATCCGTCCGAGAGTGTCAAT 6726
Qy 6912 GTTCGAAAGCCGTGACGAAGTAGACCCGTGAGAGTCTTCAAAACCTCCCTCCAC 6971
Db 6727 GTTCGAAAGCCGTGACGAAGTAGACCCGTGAGAGTCTTCAAAACCTCCCTCCAC 6786
Qy 6972 CACTGTTCTACAGTGGCCATGCGCATGCCCCGTGTGGAGCGGGTAGTAAACCTT 7031
Db 6787 CACTGTTCTACAGTGGCCATGCGCATGCCCCGTGTGGAGCAGTAGTAAACCTT 6846
Qy 7032 TCACTGCAATTGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGATTTTAAACAGTT 7091
Db 6847 TCACTGCAATTGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGGCCCTGATGATTTTAAACAGTT 6906
Qy 7092 ACCCTCCCAAAAGAGGTCTGGAATGCTGACAGAAAGTTGTGCAACGCTACAAACG 7151
Db 6907 ACCCTCCCAAAAGAGGTCTGGAATGCTGACAGAAAGTTGTGCAACGCTACAAACG 6966
Qy 7152 TTTCCAGCTACGTTACTGCGCCCGCTACCTAAGATAGCGGGAAGAGTTCCACTCACT 7211
Db 6967 CTTCAGCTACGTTACTGCGCCCGCTACCTAAGATAGCGGGAAGAGTTCCACTCACT 7026
Qy 7212 CAGCCCGCGCAACCGCCCTACAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTATTTTGTGACACA 7271
Db 7027 CAGCCCGCGCAACCGCCCTACAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTATTTTGTGACACA 7086
Qy 7272 TGAAGTCAACCTGGAACCGACGATGTTAGTTCAAAACCTGCTTAAAGTCTGTGTGCA 7331
Db 7087 TGAAGTCAACCTGGAACCGACGATGTTAGTTCAAAACCTGCTTAAAGTCTGTGTGCA 7146
Qy 7332 CTCGGGCGCTCACTAGTGGTTCTCTCAAAACAAAGATCTGATGATGATGATGACGCG 7391
Db 7147 CTCGGGCGCTCACTAGTGGTTCTCTCAAAACAAAGATCTGATGATGATGATGACGCG 7206
Qy 7392 GGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGACMACCTGTTCCCGCAT 7451
Db 7207 GGGATGCGGAGCTTAGAAAAAAGTCACTATTATAGACMACCTGTTCCCGCAT 7266
Qy 7452 CATACCAACAGAGTAGATGGCTTAGAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGTGCGTGTCAAT 7511
Db 7267 CATACCAACAGAGTAGATGGCTTAGAGAAAAAGCTTCAAAAGTTGTGCGTGTCAAT 7326
Qy 7512 GGGACTATGATGAGAGAGCTCAACAGCCCTCTAAGTCTGTAAGTCCCAATCACATG 7571
Db 7327 GGGACTATGATGAGAGAGCTCAACAGCCCTCTAAGTCTGTAAGTCCCAATCACATG 7386
Qy 7572 GCGTTGCGGGCACTGATGTTGTTCTGAGCAGCCCGCAAGGCTGTTGCACTTGACA 7631
Db 7387 GCGTTGCGGGCACTGATGTTGTTCTGAGCAGCCCGCAAGGCTGTTGCACTTGACA 7446
Qy 7632 AGTGTGTGAGGAGAGTGAATACGAGTCAATTATCGGCAACCTGTATGTTCCAAAG 7691
Db 7447 AGTGTGTGAGGAGAGTGAATACGAGTCAATTATCGGCAACCTGTATGTTCCAAAG 7506
Qy 7692 AGGAGGTCTTGTGAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAACCCCGCAAGGCTTATCTGT 7751
Db 7507 AGGAGGTCTTGTGAAGACCCCGCAAGAACCAAGAAACCCCGCAAGGCTTATCTGT 7566
Qy 7752 ACCCCCACTTGAATGAGATGTTGAGAGATGTAACGCTGACGTTGCTCTGACG 7811
Db 7567 ACCCCCACTTGAATGAGATGTTGAGAGATGTAACGCTGACGTTGCTCTGACG 7626
Qy 7812 TAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGCGTACGGGTTGTAGATCAACGTACCCGTGTCAAG 7871
Db 7627 TAGTTAAAGCTGTCAATGGAGATGCGTACGGGTTGTAGATCAACGTACCCGTGTCAAG 7686

Qy 7872 GTCTGTTGTCGATGTGATCAACCCGATGCGAGTCCGACATGCGATACAGTGTGTTG 7931
Db 7687 GTCTGTTGTCGATGTGATCAACCCGATGCGAGTCCGACATGCGATACAGTGTGTTG 7746
Qy 7932 ACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTACGACTTAAC 7991
Db 7747 ACAGTACCATCAACCCGAGATATCATGTGTGAGACAGACATCTACTACGAGCTTAAC 7806
Qy 7992 TCAGTACCAACCCGAGCTGGAATGACACATTTGCGAGGAGATTAACGCTGAGAGAC 8051
Db 7807 TCAGTACCAACCCGAGCTGGAATGACACATTTGCGAGGAGATTAACGCTGAGAGAC 7866
Qy 8052 CGATGATGCTTATGATGAGCGGAGAGATCGATATCGTAGTGTGATGTTTCCGCGTCT 8111
Db 7867 CGATGATGCTTATGATGAGCGGAGAGATCGATATCGTAGTGTGATGTTTCCGCGTCT 7926
Qy 8112 ATACTACTCAAGTTCCAAAGTTGACCTGTGCTGCTGAAGTAAATGTGACGCCAAC 8171
Db 7927 ATACTACTCAAGTTCCAAAGTTGACCTGTGCTGCTGAAGTAAATGTGACGCCAAC 7986
Qy 8172 AGGCTGGCATGAAGAACCTGCGCTTCTTATTTGGGCGATGATGCAACCGTAATTTGGA 8231
Db 7987 AGGCTGGCATGAAGAACCTGCGCTTCTTATTTGGGCGATGATGCAACCGTAATTTGGA 8046
Qy 8232 AGAGCGCGGAGCAGATGACAGCAAAACAGCAATGCGTGTCTTTGCTAGCTGGAAGA 8291
Db 8047 AGAGCGCGGAGCAGATGACAGCAAAACAGCAATGCGTGTCTTTGCTAGCTGGAAGA 8106
Qy 8292 TGAATGGTGACACCAAGATTTGTGCTCAACCCAAATACATTTGGAAGATTAACAT 8351
Db 8107 TGAATGGTGACACCAAGATTTGTGCTCAACCCAAATACATTTGGAAGATTAACAT 8166
Qy 8352 CATGCTCACTCAAGTTTACCTGGAATTTACAAAGGCGCAAGCTTACTACTTTCTTA 8411
Db 8167 CATGCTCACTCAAGTTTACCTGGAATTTACAAAGGCGCAAGCTTACTACTTTCTTA 8226
Qy 8412 CAAGAGATCTCTGATCCCTTGGCAGGTGCTGCGAGGGCTGCGGATCAACCCCA 8471
Db 8227 CAAGAGATCTCTGATCCCTTGGCAGGTGCTGCGAGGGCTGCGGATCAACCCCA 8286
Qy 8472 GTGCTGCGTGAATGGATATCTAATACATCACTACCAATGTTGTGGTTAGCCGTGT 8531
Db 8287 GTGCTGCGTGAATGGATATCTAATACATCACTACCAATGTTGTGGTTAGCCGTGT 8346
Qy 8532 TGGCTGTCCATTTATGAGAGAGATGCTTTGAGGACAACTTCCGAGACGGTGAACCT 8591
Db 8347 TGGCTGTCCATTTATGAGAGAGATGCTTTGAGGACAACTTCCGAGACGGTGAACCT 8406
Qy 8592 TTGACTGGTATGGGAAAAATTATACGCTGCTGTGAAGATCTGCCAGCATCATTTGCTG 8651
Db 8407 TTGACTGGTATGGGAAAAATTATACGCTGCTGTGAAGATCTGCCAGCATCATTTGCTG 8466
Qy 8652 GTGTGACGATTAAGGCTTTCTGCGTGTGCGCTACCAACGCTAGATCTTCAAG 8711
Db 8467 GTGTGACGATTAAGGCTTTCTGCGTGTGCGCTACCAACGCTAGATCTTCAAG 8526
Qy 8712 TTTCCCAATCACTAAGACATGACCAATGCCCCCTGCGAGCCGCGGGAAGAAAGCA 8771
Db 8527 TTTCCCAATCACTAAGACATGACCAATGCCCCCTGCGAGCCGCGGGAAGAAAGCA 8586
Qy 8772 GGGCGGTCTGCGCAGCGCCAGAGGCGTGGCGGAGCAGCAGCAAAATTTGCTGCTTCC 8831
Db 8587 GGGCGGTCTGCGCAGCGCCAGAGGCGTGGCGGAGCAGCAG-AAAATTTGCTGCTTCC 8645
Qy 8832 TTTCTGTGAGATGTAACATTAAGCCTTACCAAGATTTGATTAAGAGAGCTGTGCT 8891
Db 8646 TTTCTGTGAGATGTAACATTAAGCCTTACCAAGATTTGATTAAGAGAGCTGTGCT 8705
Qy 8892 ACACCATTTCAATTTATGATGTTTACTCCCGAGAGGGAGTGTATTAACAC 8951
Db 8706 ACACCATTTCAATTTATGATGTTTACT-CCCGAGAGGGAGTGTATTAACAC 8764

QY 1336 CTTGACCAAACTGGCTTGCAGAGTACCAATACGCTATTGCGACTATGTTAGCAGTGTACA 1395
| | | | |
Db 1151 CTTGACCAAACTGGCTTGCAGAGTACCAATACGCTATTGCGACTATGTTAGCAGTGTACA 1210
| | | | |
QY 1336 CTAACCTGGCGGTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCTGGGGGCAAGTGTATCACTGCT 1455
| | | | |
Db 1211 CTAACCTGGCGGTGGCGCTCTGATCTACTATGCTCTCTGGGGGCAAGTGTATCACTGCT 1270
| | | | |
QY 1456 CTTAGCGCTTATGCTTACATAGAAAGCGACTCTGGAACCCCTATCAGGGGCGCCACTGG 1515
| | | | |
Db 1271 CCTAGCGCTTATGCTTACATAGAAAGCGACTCTGGAACCCCTATCAGGGGCGCCACTGG 1330
| | | | |
QY 1516 ATGCTCAATAGCTGAGTTTGTCTGCGCTTGAAGATACATGTCCTTGCCACTCTTATTT 1575
| | | | |
Db 1331 ATGCTCAATAGCTGAGTTTGTCTGCGCTTGAAGATACATGTCCTTGCCACTCTTATTT 1390
| | | | |
QY 1576 GAGTAGAATGTGTGAGAAAGTATTTGTTACAGTCCAAAGTGAACAGGCTTATCACTCT 1635
| | | | |
Db 1391 GAGTAGAATGTGTGAGAAAGTATTTGTTACAGTCCAAAGTGAACAGGCTTATCACTCT 1450
| | | | |
QY 1636 AGAGTATTAACAATCTCATATCTTGGTACCCCTATCAATCCCTGGTGGAGGGAGTAT 1695
| | | | |
Db 1451 AGAGTATTAACAATCTCATATCTTGGTACCCCTATCAATCCCTGGTGGAGGGAGTAT 1510
| | | | |
QY 1696 GGTTAATTTCAAAAATAACACATGGGGTGTGCTGCCGTATTCGCAATGTCATCTGACTG 1755
| | | | |
Db 1511 GGTTAATTTCAAAAATAACACATGGGGTGTGCTGCCG -WMTGCAATGTGCACTGTACTG 1569
| | | | |
QY 1756 CACTATGGGCACTGATGCAAGTGTGAACGACACTGCGAACACTTACGAAGTATGCGGTGT 1815
| | | | |
Db 1570 CACTATGGGCACTGATGCAAGTGTGAACGACACTGCGAACACTTACGAAGTATGCGGTGT 1629
| | | | |
QY 1816 AACACATGGGCTTAACAACCGGATGGGCAACGGGCTCAGCCCTGAATTTGGCATATTA 1875
| | | | |
Db 1630 AACACATGGGCTTAACAACCGGATGGGCAACGGGCTCAGCCCTGAATTTGGCATATTA 1689
| | | | |
QY 1876 ATACCTGGGCTTAAGAAGATGTTTAACTCATATTTGATGTGAGGCGCAATTTGATTT 1935
| | | | |
Db 1690 ATACCTGGGCTTAAGAAGATGTTTAACTCATATTTGATGTGAGGCGCACTGTATTT 1749
| | | | |
QY 1936 TGAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGATATTCACCTCTCAAC 1995
| | | | |
Db 1750 TGAGGATCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATGACCCCTGATATTCACCTCTCAAC 1809
| | | | |
QY 1996 ACCGAGAGGTGGGCTAGGTTGCCGCGTACCCCACTGTGATGCTGGTCTGTTACA 2055
| | | | |
Db 1810 ACCGAGAGGTGGGCTAGGTTGCCGCGTACCCCACTGTGATGCTGGTCTGTTACA 1869
| | | | |
QY 2056 GGTTCGCGAAGGTTTACAGTATGTGAAGAACTTACCCACAGAGTTGATCACAAGA 2115
| | | | |
Db 1870 GGTTCGCGAAGGTTTACAGTATGTGAAGAACTTACCCACAGAGTTGATCACAAGA 1928
| | | | |
QY 2116 CAAGGCTGGAATAATTAATCAGGTTTATATTCGCGCAACGGGCTGTTCTCTTACGGG 2175
| | | | |
Db 1929 CAAGGCTGGAATAATTAATCAGGTTTATATTCGCGCAACGGGCTGTTCTCTTACGGG 1988
| | | | |
QY 2176 AGTTACCAAGGCGGAGTGTATCTGTGGGGTGTGTGGCAGACAGTATCTTAT 2235
| | | | |
Db 1989 AGTTACCAAGGCGGAGTGTATCTGTGGGGTGTGTGGCAGACAGTATCTTAT 2048
| | | | |
QY 2236 TTTAGCCTACCTCTGTTACTTGTCCCTTGTGTTTGGGCGGCTTCTGTGTTACCTTTGCG 2295
| | | | |
Db 2049 TTTAGCCTACCTCTGTTACTTGTCCCTTGTGTTTGGGCGGCTTCTGTGTTACCTTTGCG 2108
| | | | |
QY 2296 TCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGGCTGGAGTGTGTTGTCTAAAGCTCA 2355
| | | | |
Db 2109 TCTGTGCTCCCATCCAGTGTATCTCAAGCTGGCTGGAGTGTGTTGTCTAAAGCTCA 2168
| | | | |
QY 2356 AGTACTCTTGTGTTGATTTTCTTATCTGTGCTATCTCCGCTGCAAGCTTACGTTA 2415
| | | | |
Db 2169 AGTACTCTTGTGTTGATTTTCTTATCTGTGCTATCTCCGCTGCAAGCTTACGTTA 2228
| | | | |

QY 2416 TGCTGCCCTTTTAGGGTTTGTGCCCATGCTGCGGGCTTGCCCCCTAACTTTCTTGTGTC 2475
| | | | |
Db 2229 TGCTGCCCTTTTAGGGTTTGTGCCCATGCTGCGGGCTTGCCCCCTAACTTTCTTGTGTC 2288
| | | | |
QY 2476 AGCAGCTCTGCCCAACCAATTAATGACTGGGTGGGCTGCTGTAAGTGGCAGGGTTACT 2535
| | | | |
Db 2289 AGCAGCTCTGCCCAACCAATTAATGACTGGGTGGGCTGCTGTAAGTGGCAGGGTTACT 2348
| | | | |
QY 2536 TTTGTGGGCGGCGGTAAACGTTGTCACCGGATAGCTCTGCTGTGTAAGGCTCTGGGCTCT 2595
| | | | |
Db 2349 TTTGTGGGCGGCGGTAAACGTTGTCACCGGATAGCTCTGCTGTGTAAGGCTCTGGGCTCT 2407
| | | | |
QY 2596 GGTAGCGCTT -TAACCTCTTGAATTTGTTAGCGCTGCTTACGCTTTTGAATACGAGA 2654
| | | | |
Db 2408 GGTAGCGCTTATTAACCTCTTGAATTTTGAAGCTTGAAGCTTGAAGCTTGAAGCTTGAAG 2466
| | | | |
QY 2655 TAATTTGAGGGCTGACAAATACCACCTGTATGATGATTAAGTTGTCTGTTTGGCT 2714
| | | | |
Db 2467 TAATTTGAGGGCTGACAAATACCACCTGTATGATGATTAAGTTGTCTGTTTGGCT 2526
| | | | |
QY 2715 TCTTGGCTCACTTGTATCTGCTGTGCTGTGTTAGTTAACTCCATCTTTGGCAACGTTGGG 2774
| | | | |
Db 2527 TCTTGGCTCACTTGTATCTGCTGTGCTGTGTTAGTTAACTCCATCTTTGGCAACGTTGGG 2586
| | | | |
QY 2775 AGAATTTGTTTGAACGTTTACACTAAGACCGAAGGTTTTCCTTGTGCTGTTGTT 2834
| | | | |
Db 2587 AGAATTTGTTTGAACGTTTACACTAAGACCGAAGGTTTTCCTTGTGCTGTTGTT 2646
| | | | |
QY 2835 TCCCGGCTGCAATATGAGCGCGCTGTGACTTTCTGTGTGTGCAAGTACTCTTCTAT 2894
| | | | |
Db 2647 TCCCGGCTGCAATATGAGCGCGCTGTGACTTTCTGTGTGTGCAAGTACTCTTCTAT 2706
| | | | |
QY 2895 GTTTAACATCCAGGACAGACTGTTCTTTGGGACTGACTTACGTTAGGGTTAGGGCCATAGA 2954
| | | | |
Db 2707 GTTTAACATCCAGGACAGACTGTTCTTTGGGACTGACTTACGTTAGGGTTAGGGCCATAGA 2766
| | | | |
QY 2955 TGTGTGCTGCTGCGAAAGTGTATGCTTGTGTTATCTCATTAATGTTCTTAAGTTTTC 3014
| | | | |
Db 2767 TGTGTGCTGCTGCGAAAGTGTATGCTTGTGTTATCTCATTAATGTTCTTAAGTTTTC 2826
| | | | |
QY 3015 TCTTAGTGTGTGTGAGAAATGTGTGTTTCTATTAAGCACTTGTGATGTGTTGCTTGC 3074
| | | | |
Db 2827 TCTTAGTGTGTGTGAGAAATGTGTGTTTCTATTAAGCACTTGTGATGTGTTGCTTGC 2886
| | | | |
QY 3075 CTAATGATTTTGGCTGCGAACTACATGCAAGAGCCATTTTCCCTTTGAAGGCAAG 3134
| | | | |
Db 2887 CTAATGATTTTGGCTGCGAACTACATGCAAGAGCCATTTTCCCTTTGAAGGCAAG 2946
| | | | |
QY 3135 CAAGGCTCTATAGGAATGAAGAAAGACGTTGCGGTGTGGGAGACAGGTTAGTGTGTC 3194
| | | | |
Db 2947 CAAGGCTCTATAGGAATGAAGAAAGACGTTGCGGTGTGGGAGACAGGTTAGTGTGTC 3006
| | | | |
QY 3195 CCGTTGTGGCGCTGTGGGCACTTGTGTTGCGAGGTTGGCTATGCCCCGATGGGT 3254
| | | | |
Db 3007 SCGTTGTGGCGCTGTGGGCACTTGTGTTGCGAGGTTGCTATGCGGCAAGTGGGT 3066
| | | | |
QY 3255 GGGCATTACCGGACCTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGGGCAAGGCTGACGGA 3314
| | | | |
Db 3067 GGGCATTACCGGACCTTTTACGCTGAGTGTCTCTGAAAGTGGGCAAGGCTGACGGA 3126
| | | | |
QY 3315 TGGCAGTGTATAGTACTGTATAGACCCCGGAATTTGAGTCTGAACTATCTTACAGATTAG 3374
| | | | |
Db 3127 TGGCAGTGTATAGTACTGTATAGACCCCGGAATTTGAGTCTGAACTATCTTACAGATTAG 3186
| | | | |
QY 3375 GATCTCTGGGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACACAGTGTGTATCTGCTCAC 3434
| | | | |
Db 3187 GATCTCTGGGCACTAGCTACATGGGATTTGTTGTGACACAGTGTGTATCTGCTCAC 3246
| | | | |
QY 3435 ATGGCAGCAAGGGGCGCGGTGTGCTATCCCAAGGCTATACACCCCAATTAACCGTTG 3494
| | | | |
Db 3247 ATGGCAGCAAGGGGCGCGGTGTGCTATCCCAAGGCTATACACCCCAATTAACCGTTG 3306
| | | | |
QY 3495 ACGCGCTAATGACCAAGACATCTATCAACCAAGTGTGAGTGTGCTTACTCGGT 3554
| | | | |

|||||
Db 3307 AGCCGGCTAATGACAGGACATCTATCAACACACATGTGAGCTGGGTCCCTTACTCGGT 3366
Oy 3555 GCTCTTGCAGGAGAGACCAAGGGGTATCTGTAAACAGACTGGGGTCACTTGTGTAGGTCA 3614
Db 3367 GCTCTTGCAGGAGAGACCAAGGGGTATCTGTAAACAGACTGGGGTCACTTGTGTAGGTCA 3426
Oy 3615 ACMAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGTGGGGCCCTTCCCATGCTGTGGCCAAAG 3674
Db 3427 ACMAATCCGATGACCTTATTTGTGTGTGTGTGGGGCCCTTCCCATGCTGTGGCCAAAG 3486
Oy 3675 GTTCTTCAAGGTGCCCCGATTTCTGTGTCTCTCCGGGATGTATTTGGGATGTTCAACGGCTG 3734
Db 3487 GTTCTTCAAGGTGCCCCGATTTCTGTGTCTCTCCGGGATGTATTTGGGATGTTCAACGGCTG 3546
Oy 3735 CTAGAAATTTCTGGCGGTTCACTGATCAGATTAGGGTTAGGCCGTTGTGTGTGTGTGAT 3794
Db 3547 CTAGAAATTTCTGGCGGTTCACTGATCAGATTAGGGTTAGGGCTTGTGTGTGTGTGAT 3606
Oy 3795 ACCATCCCAATGACAGACATGCGACTCTTGTATCAAAACCTTACTGTGTCTTAACGAGT 3854
Db 3607 ACCATCCCAATGACAGACATGCGACTCTTGTATCAAAACCTTACTGTGTCTTAACGAGT 3666
Oy 3855 ATTCAGTGAATAATTTAATTTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAACCAATTAACCACTT 3914
Db 3667 ATTCAGTGAATAATTTAATTTGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAACCAATTAACCACTT 3726
Oy 3915 CTTCACATGACGAGAGATGATGAGTCTTGATCTTGAATCCAGTGTGGCTACAAACGAT 3974
Db 3727 CTTCACATGACGAGAGATGATGAGTCTTGATCTTGAATCCAGTGTGGCTACAAACGAT 3786
Oy 3975 CAATGCCAAATGATCATGACACGGGACTTAACGGGTGATCCAAATTTCTATTTTAAATGGA 4034
Db 3787 CAATGCCAAATGATCATGACACGGGACTTAACGGGTGATCCAAATTTCTATTTTAAATGGA 3846
Oy 4035 AATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTAACGATACAGCATATGGCATGTACCGGAG 4094
Db 3847 AATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTAACGATACAGCATATGGCATGTACCGGAG 3906
Oy 4095 CATGTTCCCGGAATGATGATGATATCATTTTGTGACGAATGCGATGCTACCGATGCAACA 4154
Db 3907 CATGTTCCCGGAATGATGATGATATCATTTTGTGACGAATGCGATGCTACCGATGCAACA 3966
Oy 4155 CCGTGTGGGCAATTTGGAAAGTCTTAAACCGAAGCTCATCCAAAAATGTTAAGGCTATGTG 4214
Db 3967 CCGTGTGGGCAATTTGGAAAGTCTTAAACCGAAGCTCATCCAAAAATGTTAAGGCTATGTG 4026
Oy 4215 TTCTTGCACGGCTACCCCCCTGAGTATCCCTTACGACCAACATGCGCAATTAACCTGAGA 4274
Db 4027 TTCTTGCACGGCTACCCCCCTGAGTATCCCTTACGACCAACATGCGCAATTAACCTGAGA 4086
Oy 4275 TTCAATTAACCGATGAGGACATATCCCTTTCATGAGAAAAAAGATTAAAGAGAAAAATC 4334
Db 4087 TTCAATTAACCGATGAGGACATATCCCTTTCATGAGAAAAAAGATTAAAGAGAAAAATC 4146
Oy 4335 TGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTTACAAAAACACTGTGATGAGCTTGTCTA 4394
Db 4147 TGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTTACAAAAACACTGTGATGAGCTTGTCTA 4206
Oy 4395 ACAGATTAGCTGAAAGGGAATAACAGCTGTCTTACTATAGGGGATGATGACATCTCAA 4454
Db 4207 ACAGATTAGCTGAAAGGGAATAACAGCTGTCTTACTATAGGGGATGATGACATCTCAA 4266
Oy 4455 AATTCCTGAGGCGACTGTGTAGTGTGCACTGATGCTTGTGTACAGGGTACACTG 4514
Db 4267 AATTCCTGAGGCGACTGTGTAGTGTGCACTGATGCTTGTGTACAGGGTACACTG 4326
Oy 4515 GTGACTTTGATTTCCGTGTATGATGACAGCTCATGTGTAAGGCAACATGCGATGTTGACC 4574
Db 4327 GTGACTTTGATTTCCGTGTATGATGACAGCTCATGTGTAAGGCAACATGCGATGTTGACC 4386
Oy 4575 TTGACCTTACTTTCAACATGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4634
|||||

Db 4387 TTGACCTTACTTTCAACATGGGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 4446
Oy 4635 AGCGTAGGGGCGGACACAGGCCGTGGGAGAGCTGGGATATATCTATATGTAAGCGGAGTT 4694
Db 4447 AGCGTAGGGGCGGACACAGGCCGTGGGAGAGCTGGGATATATCTATATGTAAGCGGAGTT 4506
Oy 4695 GTACCCCTTGGGGTATGTTGCTCTGAATGTCAACATTTGTGAAGCTTTGACACGACCAAG 4754
Db 4507 GTACCCCTTGGGGTATGTTGCTCTGAATGTCAACATTTGTGAAGCTTTGACACGACCAAG 4566
Oy 4755 CATGATATGTTTGTATCAACAGAAAGTCAAACTATTTCTGACACCTATGCACTTCAAC 4814
Db 4567 CATGATATGTTTGTATCAACAGAAAGTCAAACTATTTCTGACACCTATGCACTTCAAC 4626
Oy 4815 CTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTTGACAGAGTGGGCTGATCTCTTTTCTATGTCTA 4874
Db 4627 CTGGGTTACCTGCGATAGAGCAAAATTTGACAGAGTGGGCTGATCTCTTTTCTATGTCTA 4686
Oy 4875 ACCCGGAACCTTCAATTTGCAATACTGCAAAAAAGAACTGTGACAAATTAATGTTTGTGA 4934
Db 4687 ACCCGGAACCTTCAATTTGCAATACTGCAAAAAAGAACTGTGACAAATTAATGTTTGTGA 4746
Oy 4935 CTGACGCCAACATCACTAGTGTATCAATGAGTATGCTGTCCAAATGACGACAC 4994
Db 4747 CTGACGCCAACATCACTAGTGTATCAATGAGTATGCTGTCCAAATGACGACAC 4806
Oy 4995 GGTGGCAGGAGACCCGGCTTTGGGAAAAAATCTTTGGGGGTTTGTGGCGCTTGGACGGG 5054
Db 4807 GGTGGCAGGAGACCCGGCTTTGGGAAAAAATCTTTGGGGGTTTGTGGCGCTTGGACGGG 4866
Oy 5055 CTGACGCCGTGCTGGGCCAGAGCCAGGAGAGTGAACAGATACAAATGTCTTCACTG 5114
Db 4867 CTGACGCCGTGCTGGGCCAGAGCCAGGAGAGTGAACAGATACAAATGTCTTCACTG 4926
Oy 5115 AAGTCAATATCTTGTGGAACAGCCGACATGCTGTTTGGCGTTGGAAGTGTATGCTTATC 5174
Db 4927 AAGTCAATATCTTGTGGAACAGCCGACATGCTGTTTGGCGTTGGAAGTGTATGCTTATC 4986
Oy 5175 TAGCAATTGACACTTTTGGCGGCACTTGTGTGGCGGCTTGTGTCTATTTGATCAATGCC 5234
Db 4987 TAGCAATTGACACTTTTGGCGGCACTTGTGTGGCGGCTTGTGTCTATTTGATCAATGCC 5046
Oy 5235 CTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGTGTGTTGACGAAGAAATCTGAGAGAGTGTGATC 5294
Db 5047 CTACCGGTGCTACTGTGCGCCAGTGTGTTGACGAAGAAATCTGAGAGAGTGTGATC 5106
Oy 5295 CATTCATTTCCCTTGGAGGCAATGTTGCTGCAATGATTAAGTGAAGATCAATCAACA 5354
Db 5107 CATTCATTTCCCTTGGAGGCAATGTTGCTGCAATGATTAAGTGAAGATCAATCAACA 5166
Oy 5355 CAACATGATCTTTCATCTTTGGAACACCGCCCTTGAAGAACTTAAACACCTTTCTTGGGCTC 5414
Db 5167 CAACATGATCTTTCATCTTTGGAACACCGCCCTTGAAGAACTTAAACACCTTTCTTGGGCTC 5226
Oy 5415 ATGACGCTACAAATCCCTGCTATCATAGATATTTGCTGTGTGTTAAGTCACTTTAAGTCA 5474
Db 5227 ATGACGCTACAAATCCCTGCTATCATAGATATTTGCTGTGTGTTAAGTCACTTTAAGTCA 5286
Oy 5475 ATCCCTTTGCAATGACGCTGTTTGTCTTCAATTTGCGGGATTAATCAACCACTACCTCA 5534
Db 5287 ATCCCTTTGCAATGACGCTGTTTGTCTTCAATTTGCGGGATTAATCAACCACTACCTCA 5346
Oy 5535 AATCAAAAATGTTTCTGTCTATTTTGGAGGGGCAATTTGCGGCTTAACAGAGCTA 5594
Db 5347 AATCAAAAATGTTTCTGTCTATTTTGGAGGGGCAATTTGCGGCTTAACAGAGCTA 5406
Oy 5595 GAGGCGCACTGCGCTTATGATGACCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTGTACATGACAT 5654
Db 5407 GAGGCGCACTGCGCTTATGATGACCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTGTACATGACAT 5466
Oy 5655 CCGTGGGTTTGTCTTGTACATGCTAGAGGCGCTATGCTCCGCTCATCACTGCTTGTCT 5714
Db 5467 CCGTGGGTTTGTCTTGTACATGCTAGAGGCGCTATGCTCCGCTCATCACTGCTTGTCT 5526
|||||

5715 TGACATTTAAATGCTTGATGAGTGAGTGCCCACTATGATGACGTTGCTTGAAGTCT 5774
5527 TGACATTTAAATGCTTGATGAGTGAGTGCCCACTATGATGACGTTGCTTGAAGTCT 5586
5775 ACTCCGCGTTCAATCCGCGCCGAGAGTTGTGGCGTCTTGTCACTTGTGCAATGTTTG 5834
5587 ACTCCGCGTTCAATCCGCGCCGAGAGTTGTGGCGTCTTGTCACTTGTGCAATGTTTG 5646
5835 CTTTGACACAGCAGGAGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTACTATGCTGTAGGA 5894
5647 CTTTACACACAGGAGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTCTTACTATGCTGTAGGA 5706
5895 GCACACTGTATGATGATGATGATCTTATTTGCACTGTGACATCCGAGAGATATCG 5954
5707 GCACACTGTATGATGATGATCTTATTTGCACTGTGACATCCGAGAGATATCG 5766
5955 GCATTCTGAGGAGCTATCCCTCGAGTGTATATCAGCTTGACATCCGTTGGCTCCACA 6014
5767 GCATTCTGAGGAGCTATCCCTCGAGTGTATATCAGCTTGACATCCGTTGGCTCCACA 5826
6015 CCCCAGGAGGATGATTGGCGGCTCATTTGCTGGGGTCTAGAGATTTGGAGATGATG 6074
5827 CCCCAGGAGGATGATTGGCGGCTCATTTGCTGGGGTCTAGAGATTTGGAGATGATG 5886
6075 GCATTTCTTTGATGATTTGCTTTAAATGCTTTAAAGCTGAGTTGAGACATGTTTACA 6134
5887 GCATTTCTTTGATGATTTGCTTTAAATGCTTTAAAGCTGAGTTGAGACATGTTTACA 5946
6135 TTCTGCTGTTGCTTTCTATCAGCTGCGCAGAGGGGTACAGAGGCCCTGGATGGATCAG 6194
5947 TTCTGCTGTTGCTTTCTATCAGCTGCGCAGAGGGGTACAGAGGCCCTGGATGGATCAG 6006
6195 GTAGTCTCAAGCAGCTGTCCATGCGGTGAGACTCATCTTTCTGTGAGATGATG 6254
6007 GTAGTCTCAAGCAGCTGTCCATGCGGTGAGACTCATCTTTCTGTGAGATGATG 6066
6255 TTGCAAAACCTTTACAAAGAGCCAGAACTGTTCAATTTACTGAGAGGGCTGTCCAG 6314
6067 TTGCAAAACCTTTACAAAGAGCCAGAACTGTTCAATTTACTGAGAGGGCTGTCCAG 6126
6315 TCACAGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCCCACTGATGAGACTGTTGCG 6374
6127 TCACAGCTAGGCTGTGTGGGTGCGCTAGACCGGACCCCACTGATGAGACTGTTGCG 6186
6375 TCATTTATGGCGGTGAGGACTATCTGTAATGAGAAATGGGAGATCAATTTTGTGTA 6434
6187 TCATTTATGGCGGTGAGGACTATCTGTAATGAGAAATGGGAGATCAATTTTGTGTA 6246
6435 CAGCAGTATCTCTCCAAATGCTGTTTCAACCAGGTGCCCCCAACTTTGAGAGCTGCGAG 6494
6247 CAGCAGTATCTCTCCAAATGCTGTTTCAACCAGGTGCCCCCAACTTTGAGAGCTGCGAG 6306
6495 TGGCGGTGAGCGGCTGACAGTTCAAGTGTATCTAGTGAAGCCCAAACTCTCTTGAGAGA 6554
6307 TGGCGGTGAGCGGCTGACAGTTCAAGTGTATCTAGTGAAGCCCAAACTCTCTTGAGAGA 6366
6555 CATCTGCTTGTCTTACCGTCTCTGACCGGTAAAGGCTTAAAGCTTCCCTTCCGCG 6614
6367 CATCTGCTTGTCTTACCGTCTCTGACCGGTAAAGGCTTAAAGCTTCCCTTCCGCG 6426
6615 TTGACGCTCACACCTGCTGTGCGCATGCACTTAATTTTGGGATGCACTTGAGACA 6674
6427 TTGACGCTCACACCTGCTGTGCGCATGCACTTAATTTTGGGATGCACTTGAGACA 6486
6675 ATGACTGTATTTCCAAACAACTCTTATGATGAAAGCCGAGTGTCCGCTTGTGTT 6734
6487 ATGACTGTATTTCCAAACAACTCTTATGATGAAAGCCGAGTGTCCGCTTGTGTT 6546
6735 TCACACAGGAGTTGGGGGTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTTCACTGGCGTTGACA 6794
6547 TCACACAGGAGTTGGGGGTACAAACCAATGCTTGAAGCAATTTCACTGGCGTTGACA 6606

6795 CCACCAAACTGCGAGCCCCCTCC---ATCGAAGAGTATGATGTAAGAAAGCCGACGTTCC 6851
6607 CCACCAAACTGCGAGCCCCCTCCAGATCGAAGAGTATGATGTAAGAAAGCCGACGTTCC 6666
6852 GGGCAAAAGCTGTTCGTTACCTTGCTCTCCGAGATCCGTCCCAAGAGTGTCAAT 6911
6667 GGGCAAAAGCTGTTCGTTACCTTGCTCTCCGAGATCCGTCCCAAGAGTGTCAAT 6726
6912 GTCCGAAAAGCTGCAACGAAAGTACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACTCCCTCTTCAAC 6971
6727 GTCCGAAAAGCTGCAACGAAAGTACCCGTTAGAAAGTCTTCAAACTCCCTCTTCAAC 6786
6972 CACCTGTTCTACAGTTGCGCATGCGATGCCCTGTGTTGGAGCGGCTGATGTAACCTT 7031
6787 CACCTGTTCTACAGTTGCGCATGCGATGCCCTGTGTTGGAGCGGCTGATGTAACCTT 6846
7032 TCACCTGCAATTTGATGTTGCCAATGACCCGAAACAGCGCGAGGCCCTGATATTTACCACTT 7091
6847 TCACCTGCAATTTGATGTTGCCAATGACCCGAAACAGRGGAGKCCCMWAKRATTTTACCCAGTT 6906
7092 ACCCTCCAAAAGAGAGTCTCTGAATGTCAGACGAAAGTTGTCAGCGGCTACAAACCG 7151
6907 ACCCTCCAAAAGAGAGTCTCTGAATGTCAGACGAAAGTTGTCAGACGACTACAAACCG 6966
7152 TTTCAGCTACGTTACTGTCGCCCCCGTACCTTAAGATACGGGGAAAGATTTCACTCACT 7211
6967 CTTCCAGCTACGTTACTGTCGCCCCCGTACCTTAAGATACGGGGAAAGATTTCACTCAAT 7026
7212 CAGCCCCCGCCAAACCGCTTACAAAAAAGAGTTGGGAAAGATGATGTTTCTGTGACGA 7271
7027 CAGCCACCGCCAAACCGGCTTACAAAAAAGAGTTGGGAAAGATGATGTTTCTGTGACGA 7086
7272 TGAGCTACACCTGAGACGAGTGTAGCTTCAAAAGCTTCTTAAGTTCTGTCTGCA 7331
7087 TGAGCTACACCTGAGACGAGTGTAGCTTCAAAAGCTTCTTAAGTTCTGTCTGCA 7146
7332 CTCGGGCGCATCACTAGTGTGTTCTCTCAAAACAAAGATCATGATGATGATGACGAGCCGC 7391
7147 CTCGGGCGCATCACTAGTGTGTTCTCTCAAAACAAAGATCATGATGATGATGACGAGCCGC 7206
7392 GGGATGGGAGCTTAAAGAAACAAAAAGTCACTATTTAATAGACAACTCTGTTCCGCCAT 7451
7207 GGGATGGGAGCTTAAAGAAACAAAAAGTCACTATTTAATAGACAACTCTGTTCCGCCAT 7266
7452 CATACCAACAGCAAGTGAATGTTGGCTAAGAAAGTTCAAAAGTTGTCGGTGCATGT 7511
7267 CATACCAACAGCAAGTGAATGTTGGCTAAGAAAGTTCAAAAGTTGTCGGTGCATGT 7326
7512 GGGACTATGATGAATGACAGCTCAACAGCCCTCTAAGTCTGTAAGTCCACATCACTG 7571
7327 GGGACTATGATGAATGACAGCTCAACAGCCCTCTAAGTCTGTAAGTCCACATCACTG 7386
7572 GCCTTGGGGGACCTGATGTTGTTCTGTGAGAGAGCCCGCAGAGCTGTTCTGCACTTGACGA 7631
7387 GCCTTGGGGGACCTGATGTTGTTCTGTGAGAGAGCCCGCAGAGCTGTTCTGCACTTGACGA 7446
7632 AGTGTGTCAGAGGAGGTGAGATACGAGTCAATTAATGCGCAAACTGTGATGTTCCAAAG 7691
7447 AGTGTGTCAGAGGAGGTGAGATACGAGTCAATTAATGCGCAAACTGTGATGTTCCAAAG 7506
7692 AGAGAGCTTTCGTGAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTGCT 7751
7507 AGAGAGCTTTCGTGAAGACCCCCAGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTGCT 7566
7752 ACCCCACCTTGAATGATGATGTTGTTGAAGAGTACTACGTTCAAGTGTCTCTGACG 7811
7567 ACCCCACCTTGAATGATGATGTTGTTGAAGAGTACTACGTTCAAGTGTCTCTGACG 7626
7812 TAGTTAAAGCTGATGAGAGATGCGTAAACGGGTTTGTAGATCAAGTACCCGTTCAAGC 7871
7627 TAGTTAAAGCTGATGAGAGATGCGTAAACGGGTTTGTAGATCAAGTACCCGTTCAAGC 7686
7872 GTCTGTTGTCAGATGTGTCAACCCGATGCACTCGAGACCAATGCGATACAGTGTGTTTG 7931

Db	7687	GTCTGTTGTGATGTGGTCACCCGATGCACTGGAGCCACATGCGATACAGTGTGTTTG	7746
Qy	7932	ACAAGTACATCACACCCGAGATATCATGTGGAGACAGACATCTACTCAGACCTAAAC	7991
Db	7747	ACAGTACATCACACCCGAGGATATCATGGTGGAGACAGACATCTACTCAGACCTAAAC	7806
Qy	7992	TCAGTGAACCAACACCGAGCTGGCAATTCAACCATTTGGAGGCAAGTTATACGCTGGAGAC	8051
Db	7807	TCAGTGAACCAACACCGAGCTGGCAATTCAACCATTTGGAGGCAAGTTATACGCTGGAGAC	7866
Qy	8052	CGATGATGCGTTATGATGAGCGCCGAGACAGATGCGATATGTAAGGTGAGGCTTCCGAGCGCT	8111
Db	7867	CGATGATGCGTTATGATGAGCGCCGAGAGATGCGATATGTAAGGTGAGGCTTCCGAGCGCT	7926
Qy	8112	ATACTACTCAAGTTCCTCAACACAGTTTGAACCTTGCTGCTGAAGGTAAATGCTGCAACCGAAC	8171
Db	7927	ATACTACTCAAGTTCCTCAACACAGTTTGAACCTTGCTGCTGAAGGTAAATGCTGCAACCGAAC	7986
Qy	8172	AGGCTGCATGAGAACCCCTGCGCTTCTTATTTGGCGGCGATGATTGCAACCGTAATTTGGA	8231
Db	7987	AGGCTGCATGAGAACCCCTGCGCTTCTTATTTGGCGGAGATGATTGCAACCGTAATTTGGA	8046
Qy	8232	AGAGCGCCGAGACGATGACAGACAAACAAGCAATGCGTCTTTGCTAGAGCTGATGAGAG	8291
Db	8047	AGAGCGCCGAGACGATGACAGACAAACAAGCAATGCGTCTTTGCTAGAGCTGATGAGAG	8106
Qy	8292	TGATGGGTGACACACAAAGATTTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGGAAAGATTTAAAT	8351
Db	8107	TGATGGGTGACACACAAAGATTTGTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGGAAAGATTTAAAT	8166
Qy	8352	CATGCTCATCAAAATGTTTACCTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCCTTTACTCTTCTTA	8411
Db	8167	CATGCTCATCAAAATGTTTACCTCTGGAATTTACCAAAAGTGGCAAGCCTTTACTCTTCTTA	8226
Qy	8412	CAAGAGATCTCTCGTATCCCCCTTGGCAGAGTCTCTGCCGAGGGTCTGGGATATCAACCCCA	8471
Db	8227	CAAGAGATCTCTCGTATCCCCCTTGGCAGAGTCTCTGCCGAGGGTCTGGGATATCAACCCCA	8286
Qy	8472	GTGCTGGGTGATTTGGGATCTTAATTAATCACTCACTCCCATGTTTGGGTTTAGCGGTGTG	8531
Db	8287	GKGGKGGGTGATTTGGGATCTTAATTAATCACTCACTCCCATGTTTGGGTTTAGCGGTGTG	8346
Qy	8532	TGCGTGTCCATTTTTCATGAGACAGATGCTCTTTGAGAGCAAACTTTCGCCGAGCGGTGACT	8591
Db	8347	TGCGTGTCCATTTTTCATGAGACAGATGCTCTTTGAGAGCAAACTTTCGCCGAGCGGTGACT	8406
Qy	8592	TTTGACTGGTATGGGAAAAATTAATACGAGTCTGTAGAAAGATCTGCCACGATCATTTGCTG	8651
Db	8407	TTTGACTGGTATGGGAAAAATTAATACGAGTCTGTAGAAAGATCTGCCACGATCATTTGCTG	8466
Qy	8652	GTGAGCAACGGTATTTGAGGCTTTTCGAGTGGTGGCGCTACACCAAGCGTGAATCCGACAG	8711
Db	8467	GTGAGCAACGGTATTTGAGGCTTTTCGAGTGGTGGCGCTACACCAAGCGTGAATCCGACAG	8526
Qy	8712	TTTTCCCATCACTATAACAGACATGACCATGACCCCTCTGCGAGCTGTGGCGAAAGAAAGCA	8771
Db	8527	TTTTCCCATCACTATAACAGACATGACCATGACCCCTCTGCGAGCTGTGGCGAAAGAAAGCA	8586
Qy	8772	GGGCGGTCCTTCGCAAGCGCCCAAGAGGCGTGGCGAGACACACGCAAAATTGGCTGGCTTCC	8831
Db	8587	GGGCGGTCCTTCGCAAGCGCCCAAGAGGCGTGGCGAGACACAG-AAAATTGGCTGGCTTCC	8645
Qy	8832	TTTCTGCGCATGCTACATCTGAACCTCTACACAGATTTGGATTAAGCGAGCGTGGCTGGCT	8891
Db	8646	TTTCTGCGCATGCTACATCTGAACCTCTACACAGATTTGGATTAAGCGAGCGTGGCTGGCT	8705
Qy	8892	ACACCACTTTCAATTAATGTGATGTTTACTCCCGAGAGGGAGTGTTTTATACACAC	8951
Db	8706	ACACCACTTTCAATTAATGTGATGTTTACT-CCCGAGAGGGAGTGTTTTATACACAC	8764
Qy	8952	AGAGAGATTGCAAGAGTTTCTTGTGAAGTATTTGGCTGTCATGTTTGGCCTTAGGGC	9011

Db	8765	AGAGAGATTCAGAGAGATTCTTGTGAAGATATTGGCTGTCATGTGTGGCCCTTAGGAC	8824
Qy	9012	TCATTCGTGTGGATTATGACCATCAGCTGAAACCCCAATTCAAATTAATCAATACAGTTT	90711
Db	8825	TCATTCGTGTGGACTATGACCATCAGCTGAAACCCCAATTCAAATTAATTAATCAAGTTT	88844
Qy	9072	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	9090
Db	8885	TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	8903
RESULT 13			
US-08-424-550B-11			
Sequence 11, Application US/08424550B			
Patent No. 6720166			
GENERAL INFORMATION:			
APPLICANT: JOHN N. SIMONS			
APPLICANT: TAMI J. PILOT-MATIAS			
APPLICANT: GEORGE J. DAWSON			
APPLICANT: GEORGE G. SCHLAUDER			
APPLICANT: SURESH M. DESAI			
APPLICANT: THOMAS P. LEARY			
APPLICANT: ANTHONY SCOTT MURRHOF			
APPLICANT: JAMES C. ERKER			
APPLICANT: SHERI L. BUIJK			
APPLICANT: ISA K. MUSHAWAR			
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS			
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE			
NUMBER OF SEQUENCES: 716			
CORRESPONDENCE ADDRESS:			
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/APED			
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD			
CITY: ABBOTT PARK			
STATE: IL			
COUNTRY: USA			
ZIP: 60064-3500			
COMPUTER READABLE FORM:			
MEDIUM TYPE: Floppy disk			
COMPUTER: IBM PC compatible			
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS			
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25			
CURRENT APPLICATION DATA:			
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550B			
FILING DATE:			
CLASSIFICATION: 435435			
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:			
NAME: POREMBSKI, PRISCILLA E.			
REGISTRATION NUMBER: 33,207			
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01			
TELECOMMUNICATION INFORMATION:			
TELEPHONE: 708-937-6365			
TELEFAX: 708-938-2623			
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 11:			
SEQUENCE CHARACTERISTICS:			
LENGTH: 8912 base pairs			
TYPE: nucleic acid			
STRANDEDNESS: single			
TOPOLOGY: linear			
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)			
US-08-424-550B-11			
Qy	196	TGGGTTGGTGCTGTGTGGCGTTTATGAGCAGCTCCAGCCCAACACCTCCAGATGAGC	255
Db	11	TGGGTTGGTGCTGTGTGTGGCGTTTATGAGCAGCTCCAGCCCAACACCTCCAGATGAGC	70
Qy	256	GGCGGCACTGTAGAGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGCAGACCTCTTTTGA	315
Db	71	GGCGGCACTGTAGAGGAAGACCGGGGACCGGTCACTACCAAGAGCAGACCTCTTTTGA	130

OY	316	GGATACCGCTCCGGAAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTAATATGTTGGATAGTTGGGGT	375
Db	121	GGATACCGCTCCGGAAAGTAGTTGGGCAAGCCCACTAATATGTTGGGATGTTGGGGT	190
OY	376	TAGCCATCCATACCGTACTGCGTAGAGGATCCTTGGCGAGGGAGATCTGGGAGTCTGTAG	435
Db	121	TAGCCATCCATACCGTACTGCGTAGAGGATCCTTGGCGAGGGAGATCTGGGAGTCTGTAG	250
OY	436	ACCGTAGACATATGCTGTTATTTCTAATCAAAACAATCTGTACTGCGCCAGAACGCG	495
Db	251	ACCGTAGACATATGCTGTTATTTCTAATCAAAACAATCTGTACTGCGCCAGAACGCG	310
OY	436	CANAGAACAGCAGACGCGAGCTTCATATCTGTGTCCATTAATAACATCTGTGAAAGGG	555
Db	311	CANAGAACAGCAGACGCGAGCTTCATATCTGTGTCCATTAATAACATCTGTGAAAGGG	370
OY	556	ACAAAGCAAGAACGCCAAAGTCCAGGCGCATCTGGGCTCGTAATTAACAAATAGTCTGG	615
Db	371	ACAAAGCAAGAACGCCAAAGTCCAGGCGCATCTGGGCTCGTAATTAACAAATAGTCTGG	430
OY	616	TATCCATGATGCGCTTGGCAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTTGCCAGCTCATGTTGGGAGC	675
Db	431	TATCCATGATGCGCTTGGCAGACATTTGGCTCAGGCTGCTTTGCCAGCTCATGTTGGGAGC	490
OY	676	CCAAACCCCTGCCCATTAAGTCTGCGCAATTTGGAAATCCTTCTGCAATTAACCTTTGGGGTG	735
Db	491	CCAAACCCCTGCCCATTAAGTCTGCGCAATTTGGAAATCCTTCTGCAATTAACCTTTGGGGTG	550
OY	736	GATTGGTAGTTGTTAACAATCAACAACCTTAGTAGGCCCGCTGGAGGAGACGGTGGT	795
Db	551	GATTGGTAGTTGTTAACAATCAACAACCTTAGTAGGCCCGCTGGAGGAGACGGTGGT	610
OY	796	TCGACAGCTCTGCGCAGATAGTACGCTTGTGAGAGTAGAGTCAACTGGGCTACTGTTTG	855
Db	611	TCGACAGCTCTGCGCAGATAGTACGCTTGTGAGAGTAGAGTCAACTGGGCTACTGTTTG	670
OY	856	GTTCCGGTCCACCTTTTGTGTATGTCTGCTATCTTTGGCCTGTCCCTGTATGAGGGCC	915
Db	671	GTTCCGGTGTCCACCTTTTGTGTATGTCTGCTATTTTGGCCTGTCTCTGTATGAGGGCC	730
OY	916	GCGGGTCACTGACCCAGACACAATAATACCAACATCCGACCAATTTGCTGCACCGTAATCA	975
Db	731	GCGGGTCACTGACCCAGACACAATAATACCAACATCTGACCAATTTGCTGCACCGTAATCA	790
OY	976	GGTTATCTAATGTTCTCTTCCACTTGCCTTACACGACGCTGGTGTGTATCTGTGCGGA	1035
Db	791	GGTTATCTAATGTTCTCTTCCACTTGCCTTACACGACGCTGGTGTGTATCTGTGYGA	850
OY	1036	CGAGTGTGGGTTCCCGCCAAATCCGTACATCTCACACCTTTCOAATTTGACCTGGCACGGA	1095
Db	851	CGAGTGTGGGTTCCCGCCAAATCCRTTACATCTCACACCTTTCOAATTTGACCTGGCACGGA	910
OY	1096	CTCCCTTCTGGGTACCAATTGATTTTGTATTTGGCGCTCTTGTGACCTGTGAGAGCCCT	1155
Db	911	CTCCCTTCTGGGTACCAATTGATTTTGTATTTGGCGCTCTTGTGACCTGTGAGAGCCCT	970
OY	1156	TGACATTGGTAGTGTGTGTGAGCGTGTGTATTTAGTCGGTGACTGGCTGTACGACACTG	1215
Db	971	TGACATTGGTAGTGTGTGTGAGCGTGTGTATTTAGTCGGTGACTGGCTGTACGACACTG	1030
OY	1216	GCTTATTTACATAGACTTCAATGAATCTGTGTACTTGTACCTGGAAGTGCACATGGAAT	1275
Db	1031	GCTTATTTACATAGACTTCAATGAATCTGTGTACTTGTACCTGGAAGTGCACATGGAAT	1090
OY	1276	AGATCTCTGGGTCTTAAAGGTTTATGTGGGTGATTTGCGCGCAAGGTTCAGAGCTGTATCTT	1335
Db	1091	AGATCTCTGGGTCTTAAAGGTTTATGTGGGTGATTTGCGCGCAAGGTTCAGAGCTGTATCTT	1150
OY	1336	CTTGACCAAACTGGGCTTCAAGATGACAAATGCTATTGCGCATATGTTTAGCAGGTATCA	1395
Db	1151	CTTGACCAAACTGGGCTTCAAGATGACAAATGCTATTGCGCATATGTTTAGCAGGTATCA	1210
OY	1396	CTACCTGACGGTTGGCGCTCTGTATCTACTATGCTCTTCGCGGCAAGTGTATCAAGTGTCT	1455

Db	1211	CTACTGGCGGTGCGCTGATCTACTAGCTTCGCGGGCAAGTGTATCACTGTCT	1270
Qy	1456	CCTAAGCGCTTATGCTTTACATAGAAAGGACCTCTGAAAACCTTACAGGGTGCACATGG	1515
Db	1271	CCTAAGCGCTTATGCTTTACATAGAAAGGACCTCTGAAAACCTTACAGGGTGCACATGG	1330
Qy	1516	ATGCTCAATAGCTAGTGTGTCTGCGCTTGTATGATACATATGTCCTTGCCACTTATTT	1575
Db	1331	ATGCTCAATAGCTAGTGTGTCTGCGCTTGTATGATACATATGTCCTTGCCACTTATTT	1390
Qy	1576	GAGTGAGAAATGTGCAGAAAGTCAATTTGTCAGTCCAAAGTGAACAGGGCTATCACTCT	1635
Db	1391	GAGTGAGAAATGTGCAGAAAGTCAATTTGTCAGTCCAAAGTGAACAGGGCTATCACTCT	1450
Qy	1636	AGAGTATTAACAATCTCAATCTCTTGATACCCCTATACAAATCCCTGTGCGAGGGATGTAT	1695
Db	1451	AGAGTATTAABAATCTCAATCTCTTGATACCCCTATACAAATCCCTGTGCGAGGGATGTAT	1510
Qy	1696	GCTTAATATTCAAAATAATACACATGGGGTGTCTGCGCTGATTTGCAATGTCCATCTGACTG	1755
Db	1511	GCTTAATATTCAAAATAATACACATGGGGTGTCTGCGCG-MWTGCGAATGTGCATCTGACTG	1569
Qy	1756	CACATATGGGCACTGATGCAAGTGTGGAACGACATCGCAACAATTAGCAATATGCGGGTGT	1815
Db	1570	CACATATGGGCACTGATGCAAGTGTGGAASACATCGCAACAATTAGCAATATGCGGGTGT	1629
Qy	1816	AACACCAATGCTTAACAACCCGATGGCAACAACGCGTCAAGCCCTGAATTTGGCTATATTACA	1875
Db	1630	AACACCAATGCTTAACAACCCGATGGCAACAACGCGTCAAGCCCTGAATTTGGCTATATTACA	1689
Qy	1876	ATACCTGTGGTCTTAAGAAATGTTTTAAACCTCATTAATTGATGTACAGCCATTTGTATTT	1935
Db	1690	ATACCTGTGGTCTTAAGAAATGTTTTAAACCTCATTAATTGATGTACAGCCATTTGTATTT	1749
Qy	1936	TGAGGATTCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATAGAACCTGTAAATTCACATCTCTCCATAC	1995
Db	1750	TGAGGATTCAGATACCCCTATAGTTTACTTTATAGAACCTGTGTAAATTCACATCTCTCCATAC	1809
Qy	1996	ACCGGAAGGTGGGCTAGTGTGACCCGGTACCCCACTGTGTATAGTGGTCTTGGTTACA	2055
Db	1810	ACCGGAAGGTGGGCTAGTGTGACCCGGTACCCCACTGTGTATAGTGGTCTTGGTTACA	1869
Qy	2056	GGTTCGCGAAGGTTTTTACAGTAGTGTGAAGAAGCTTAGCCACAGATTTGATTCACAAAGA	2115
Db	1870	GGTTCGCGAAGGTTTTTACAGTAGTGTGAAGAAGCTTAGCCACAGATTTGATTCACAAAGA	1928
Qy	2116	CMAAGCTCGAAAAATTTATCAAGTCTTATATTCGCGCAAGGGTGTGTCTCTACAGGG	2175
Db	1929	CMAAGCTCGAAAAATTTATCAAGTCTTATATTCGCGCAAGGGTGTGTCTCTCTACAGGG	1988
Qy	2176	AGTTACCAACCAAGGCGGTGGTGTCTTAATTCGTTGGGGTGTGTGGGCAAGATATCTTAT	2235
Db	1969	AGTTACCAACCAAGGCGGTGGTGTCTTAATTCGTTGGGGTGTGTGGGCAAGATATCTTAT	2048
Qy	2236	TTTATGCTTACCTGTATCTTGTCTTGTCTTTGTTGGCGCGCTTCTGTTAACCTTTGCG	2295
Db	2049	TTTATGCTTACCTGTATCTTGTCTTGTCTTTGTTGGCGCGCTTCTGTTAACCTTTGCG	2108
Qy	2296	TCCTGTGTCTCCATCCCAAGTCGTATCTTCMAAGCTGTGGGATGTTTTGTCTAAAGCTCA	2355
Db	2109	TCCTGTGTCTCCATCCCAAGTCGTATCTTCMAAGCTGTGGGATGTTTTGTCTAAAGCTCA	2168
Qy	2356	AGTAGACTCTTTTGTCTTGAATTTCTCAATCTGTGTGTATCTCCGCGCAGGCAAGCTTA	2415
Db	2169	AGTAGACTCTTTTGTCTTGAATTTCTCAATCTGTGTGTATCTCCGCGCAGGCAAGCTTA	2228
Qy	2416	TGCTGACCTTTTATAGGTTTGTGTGCCATGTGGCGGCTTGGCCCTTAATCTTTTGTGTGC	2475
Db	2229	TGCTGACCTTTTATAGGTTTGTGTGCCATGTGGCGGCTTGGCCCTTAATCTTTTGTGTGC	2288
Qy	2476	AGCAGCTGTGCCCAACCAAGTATATGACTGTGGGTGTGCACTGTATGTGCAGGGTTAGT	2535

Db	2289	AGCAGCTGCTGCGCCAACCAAGATTATGACTGGTGGGTGCGACTGCTGATGCGAGGGTTAGT	2348
QY	2536	TTTGTGGGCGCGCGGTAAACCGTGTGTCACCGCATAGCTCTGCTGTAGTCTTGGCCCTCT	2595
Db	2349	TTTGTGGGCGCGCGGTGACCGTGTCA-CGGATAGCTCTGCTGTAGTCTTGGCCCTCT	2407
QY	2596	GGTAGCGCTTT-TAACCTCTTGCAATTTGGTTACGCTGCTTCAGCTTTTGATACGAGA	2654
Db	2408	GGTAGCGCTTTTAACCTCTTGCAATTTSTPAKCGCTGCTT-AGCTTTTGACACCGAGA	2466
QY	2655	TAATTTGAGGGGCTACAAATPACACCTGATAGAGATTAAGTTGTCAATGCTCGTTTGGCT	2714
Db	2467	TAATTTGAGGGGCTACAAATPACACCTGATAGAGATTAAGTTGTCAATGCTCTGTTTGGCT	2526
QY	2715	TCCTTGTGCATCTTGTATCTCGCTGTGGCTTAACTCCATCTTTTGGCAAGTTGGG	2774
Db	2527	TCCTTGTGCATCTTGTATCTCGCTGTGGCTTAACTCCATCTTTTGGCAAGTTGGG	2586
QY	2775	AGAAATGGTTTGGAAAGTTACACTAAGAACCGAGAGGGTTTTCTTGTGCTGTTTTGT	2834
Db	2587	AGAAATGGTTTGGAAAGTTACACTAAGAACCGAGAGGGTTTTCTTGTGCTGTTTTGT	2646
QY	2835	TCCCCCGGTGCGACATATPACGCGCTGTGTGACTTTCTGTGTGTGTCAGTACCTCTTAT	2894
Db	2647	TCCCCCGGTGCGACATATPACGCTGTGTGACTTTCTGTGTGTGTCAGTACCTCTTAT	2706
QY	2895	GTTTAAACATCAGTAGAGACATCGTTCTTTTGGAGCTGACTPAGAGGTTAAGGCCCATAGAA	2954
Db	2707	GTTTAAACATCAGTAGAGACATCGTTCTTTTGGAGCTGACTPAGAGGTTAAGGCCCATAGAA	2766
QY	2955	TGTTGGTGCCTCGGAAAGTGTCAAGCTTGGTATCTCATTAATGTTCTTAAGTTTTTCC	3014
Db	2767	TGTTGGTGCCTCGGAAAGTGTCAAGCTTGGTATCTCATTAATGTTCTTAAGTTTTTCC	2826
QY	3015	TCTTAAGTGTTTGGTAGAATAGTGTGTTTTCTATPAGACCTTGACATGTGTATGCTTGC	3074
Db	2827	TCTTAAGTGTTTGGTAGAATAGTGTGTTTTCTATPAGACCTTGACATGTGTATGCTTGC	2886
QY	3075	CTAATGATTTTGGCCTCGAAACCTACCATTTGCAAGAGCCATTTTTCCCTTTGAAAGCAAG	3134
Db	2887	CTAATGATTTTGGCCTCGAAACCTACCATTTGCAAGAGCCATTTTTCCCTTTGAAAGCAAG	2946
QY	3135	CAAGGGTCTAATAGATAGATGAGAGAACGCTTGGCGTGTGGGAGACACGGTTAGTGGTTGC	3194
Db	2947	CAAGGGTCTAATAGATAGATGAGAGAACGCTTGGCGTGTGGGAGACACGGTTAGTGGTTGS	3006
QY	3195	CCGTTGTGTGCGCGTCTCGGCGACCTTGTTTTTCGACAGGTTGGCTATGCGCCCAATGGGT	3254
Db	3007	SCGTGTGTGCGCGTCTCGGCGACCTTGTTTTTCGACAGGTTGTAGCTATGCGCCCAATGGGT	3066
QY	3255	GGGGCATTACCGCACCTTTTACGCTGACAGTGTCTCTCGAAAGTGGACAGCGCTGCAGGGA	3314
Db	3067	GGGGCATTACCGCACCTTTTACGCTGACAGTGTCTCTCGAAAGTGGACAGCGCTGCAGGGA	3126
QY	3315	TGGCAGTGGTCAATGACTGTATAGACCCCGCAACTTGGACTGGAATCTATCTTCAAGATTAG	3374
Db	3127	TGGCAGTGGTCAATGACTGTATAGACCCCGCAACTTGGACTGGAATCTATCTTCAAGATTAG	3186
QY	3375	GATCTCTGGCCCATCTAGCTPACATGGGATTTGTTGTGCAACGTTGTTATATCTGCTCAC	3434
Db	3187	GATCTCTGGCCCATCTAGCTPACATGGGATTTGTTGTGCAACGTTGTTATATCTGCTCAC	3246
QY	3435	ATGGAGAGCAAGGGGGCGGGTGGCTATCCACAGCGCTATPACCCCAATPACCCGTTG	3494
Db	3247	ATGGAGAGCAAGGGGGCGGGTGGCTATCCACAGCGCTCCATPACCCCAATPACCCGTTG	3306
QY	3495	ACGCGGCTAATGACCAAGGACATCTATPACAACCAACATGTGTGAGCTGGGTCCCTTACTCGGT	3554
Db	3307	ACGCGGCTAATGACCAAGGACATCTATPACAACCAACATGTGTGAGCTGGGTCCCTTACTCGGT	3366
QY	3555	GCTCTTTCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAAACAGACTGGGGTCAATTTGTTAGAGTCA	3614
Db	3367	GCTCTTTCGGGGAGACCAAGGGGATCTGTGTAAACAGACTGGGGTCAATTTGTTAGAGTCA	3426

OY	3615	ACAAATCCGATGACCCCTTATTGCGTGTGTGTGCGGGGCCCTTCCCATGCGCTGTGGCAAG	3674
Db	3427	ACAAATCCGATGACCCCTTATTGCGTGTGTGTGCGGGGCCCTTCCCATGCGCTGTGGCAAG	3486
OY	3675	GTTCTTCAGAGGCGCCCGATTCTGTGCTCTCCCGGGCACTGTTATGTGGATGTTCACCGCTG	3734
Db	3487	GTTCTTCAGAGTGCCTCCCATTTCTGTGCTCTCCCGGGCACTGTTATGTGGATGTTCACCGCTG	3546
OY	3735	CTAGAAAATTGCGCGGTTCACTGTCAGTCAGATTAGGGTTAGGGCTTGAAGCGCTGTGTGCTGCAT	3794
Db	3547	CTAGAAAATTCTGCGGGTTCACTGTCGGCCAGATTTAGGGTTAGGGCTGTGTGTGCTGCAT	3606
OY	3795	ACCATCCCGCATGACACAGCACATGCCACTCTGTGATACAAAACCTACCTGTGCTTACAGAT	3854
Db	3607	ACCATCCCGCATGACACAGCACATGCCACTCTGTGATACAAAACCTACCTGTGCTTACAGAT	3666
OY	3855	ATTAGTGCAAATTTTATTATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCACCAATTTACACTTT	3914
Db	3667	ATTAGTGCAAATTTTATTATGCCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCACCAATTTACACTTT	3726
OY	3915	CTTACATGCGAGAGAGTATGAGGTCTTGGTCTCTAAATCCCACTGTGTGGCTTACACACAT	3974
Db	3727	CTTACATGCGAGRBAAYATGAGGTCTTGGTCTCTAAATCCCACTGTGTGGCTTACACACAT	3786
OY	3975	CAATGCCAAGATGATGTCACGCGACGTCAGCGCGTGAATCCAAATTTGCTATTTTATGACA	4034
Db	3787	CAATGCCAAGATGATGTCACCGCACGTCAGCGCGTGAATCCAAATTTGCTATTTTATGACA	3846
OY	4035	AATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACACATATGGATGTACTTGACCGGAG	4094
Db	3847	AATGTACCAACACAGGGGCTTCACTTACGTACAGACACATATGGATGTACTTGACCGGAG	3906
OY	4095	CATGTCCCCGGAACATATGATGTATCATTTGTGTGAGATGTCAGATGCTACCGTACCAACA	4154
Db	3907	GATGTCCCCGGAACATATGATGTATCATTTGTGTGAGATGTCAGATGCTACCGTACCAACA	3966
OY	4155	CCGTTGTGGGATTTGGAAGGTCTCTTAAACCGAAGCTCCATCCAAAATTTTAAAGCTAGTG	4214
Db	3967	CCGTTGTGGGATTTGGAAGGTCTCTTAAACCGAAGCTCCATCCAAAATTTTAAAGCTAGTG	4026
OY	4215	TTCTTGCCACGGGCTACCCCCCTCTGAGATATCCCTTACACCAATGCCACAATACTGAGA	4274
Db	4027	TTCTTGCCACGGGCTACCCCCCTCTGAGATATCCCTTACACCAATGCCACAATACTGAGA	4086
OY	4275	TTCAATTACCGATGGAAGGCACTATCCCTCTTACGTGAAAAAAGATTAAAGGAGAAAAATC	4334
Db	4087	TTCAATTACCGATGGAAGGCACTATCCCTCTTACGTGAAAAAAGATTAAAGGAGAAAAATC	4146
OY	4335	TGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTTACCAAAAAACCTGTGATGAAGCTTGCTA	4394
Db	4147	TGAAGAAAGGAGACACCTTATCTTTGAGGCTTACCAAAAAACCTGTGATGAAGCTTGCTA	4206
OY	4395	ACGAGTTAGCTCGAAGGGGAATTAACAGTGTCTCTTACTATAGGGGAATGTGACACTTCAA	4454
Db	4207	ACGAGTTAGCTCGAAGGGGAATTAACAGTGTCTCTTACTATAGGGGAATGTGACACTTCAA	4266
OY	4455	AAATCCCTGAGGGCGCACTGTGTAGTATGTCACATGATCCCTGTGTACAGGGTACACTG	4514
Db	4267	AAATCCCTGAGGGCGCACTGTGTAGTATGTCACATGATCCCTGTGTGTACAGGGTACACTG	4326
OY	4515	GTTGACTTTGATTTCCGTGTATGTACCTGACGCTCATGTGTGAAGGACATGCCATGTGTACC	4574
Db	4327	GTTGACTTTGATTTCCGTGTATGTACCTGACGCTCATGTGTGTGAAGGACATGCCATGTGTACC	4386
OY	4575	TTGACCCCTACTTTCACCAATGGGTGTTCCGTGTGTGCGGGGTTTCAGCAATAGTTAAAGCC	4634
Db	4387	TTGACCCCTACTTTCACCAATGGGTGTTCCGTGTGTGCGGGGTTTCAGCAATAGTTAAAGCC	4446
OY	4635	AGCGTAGGGGCCGACAGGCGGTGGGAAGCTGGCATATCTACTATGTATGACCGGGAATT	4694
Db	4447	AGCGTAGGGGCCGACAGGCGGTGGGAAGCTGGCATATCTACTATGTATGACCGGGAATT	4506

QY	4695	GTAAACCCCTTGCGGTATAGTCTCTGAAATGCACAATTTGTGAAAGCCCTTGACGACCAAGG	4754
DB	4507	GTACCCCTTCGGGTATAGTCTCTGAAATGCACAATTTGTGAAAGCCCTTGACGACCAAGG	4566
QY	4755	CATGTATAGTGTGTGTCACTCAACAGAAAGTCAAACTATTCTGAGACACATATGSCACCAAC	4814
DB	4567	CATGTATAGTGTGTGTCACTCAACAGAAAGTCAAACTATTCTGAGACACATATGSCACCAAC	4626
QY	4815	CTGGGTTACCTGCGATAGAGACAAATTTGACAGAGTGGGCTGATCTCTTTTCTATAGTCA	4874
DB	4627	CTGGGTTACCTGCGATAGAGACAAATTTGACAGAGTGGGCTGATCTCTTTTCTATAGTCA	4686
QY	4875	ACCCGGAACCTTCATTTGTCAATATCGAATAAAGAACTGCGACAAATTATGTTTGTGGA	4934
DB	4687	ACCCGGAACCTTCATTTGTCAATATCGAATAAAGAACTGCGACAAATTATGTTTGTGGA	4746
QY	4935	CTGACGCCCAACTACAACTGTGTCACTAGTATAGGCTATGCTGCTCCCAATAGACCAAC	4994
DB	4747	CTGACGCCCAACTACAACTGTGTCACTAGTATAGGCTATGCTGCTCCCAATAGACCAAC	4806
QY	4995	GGTGGCAGGAGCCCGGCTTGAGAAAAAACCCTGTGGGGTTCTGTGGCGCTTGGACGGCG	5054
DB	4807	GGTGGCAGGAGCCCGGCTTGAGAAAAAACCCTGTGGGGTTCTGTGGCGCTTGGACGGCGT	4866
QY	5055	CTGAGACCTGTCTCTGGGCCCAAGCCCAAGAGGTGACCAATATCCAAATGTGCTTCACTG	5114
DB	4867	GTGAAGCCCTGTCTCTGGGCCCAAGCCCAAGAGGTGACCAATATCCAAATGTGCTTCACTG	4926
QY	5115	AAGTCAATACTCTTGAGGACAGCCGCACTCGGCTGTGGCGGTGAGGTGGCTATGACTATTC	5174
DB	4927	AAGTCAATACTCTTGAGGACAGCCGCACTCGGCTGTGGCGGTGAGGTGGCTATGACTATTC	4986
QY	5175	TAGCCATTGACACTTTTGGCGCACTTGTTGTGCGCGCTTGTGCTATATGTCATCACTGCC	5234
DB	4987	TAGCCATTGACACTTTTGGCGCACTTGTTGTGCGCGCTTGTGCTATATGTCATCACTGCC	5046
QY	5235	CTACCGGTGTCTACTGTGCGCCCAAGTGGTTGACGAAGAAATGTGGAGAGTGTGCAT	5294
DB	5047	CTACCGGTGTCTACTGTGCGCCCAAGTGGTTGACGAAGAAATGTGGAGAGTGTGCAT	5106
QY	5295	CATTCAATCCCTTGAGAGGCCAATGGTGTGTGCAATCGATTAAGCTGAAGGTATCATCAACA	5354
DB	5107	CATTCAATCCCTTGAGAGGCCAATGGTGTGTGCAATCGATTAAGCTGAAGGTATCATCAACA	5166
QY	5355	CAACTAGTCTTTTCACTATTTGAAAAACCGCCCTTGAAAAAATTMAACCTTTCTTGGGCTC	5414
DB	5167	CAACTAGTCTTTTCACTATTTGAAAAACCGCCCTTGAAAAAATTMAACCTTTCTTGGGCTC	5226
QY	5415	ATGCAAGCTACAACTCTTGTCTATCATAGAGTATTTGCTGTGTGTTATGTCACTTTACCTGACA	5474
DB	5227	ATGCAAGCTACAACTCTTGTCTATCATAGAGTATTTGCTGTGTGTTATGTCACTTTACCTGACA	5286
QY	5475	ATCCCTTGCACAAATGCGTGTGCTTCAATGGGGGATTAATCAACCCACTACACTGACA	5534
DB	5287	ATCCCTTGCACAAATGCGTGTGCTTCAATGGGGGATTAATCAACCCACTACACTGACA	5346
QY	5535	AGATCAAAATGTCTCTGTCACTTATTTGGAGCGCAATTTGCTCCCAAGCTTACAGACGCTA	5594
DB	5347	AGATCAAAATGTCTCTGTCACTTATTTGGAGCGCAATTTGCTCCCAAGCTTACAGACGCTA	5406
QY	5595	GAGGCGCACTGGCGTTATGATGAGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTTGATCATGACAT	5654
DB	5407	GAGGCGCACTGGCGTTATGATGAGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTTGATCATGACAT	5466
QY	5655	CGGTGGGTTTGTCTTTGACAAATGCTATAGCGGGCTATGCTGCCGCTCATACACTGCTTGTCT	5714
DB	5467	CGGTGGGTTTGTCTTTGACAAATGCTATAGCGGGCTATGCTGCCGCTCATACACTGCTTGTCT	5526
QY	5715	TGACATTTAAATGCTTGATGGGTGATGAGGCCCACTATGATACAGCTTGCTGTGTAGTCT	5774
DB	5527	TGACATTTAAATGCTTGATGGGTGATGAGGCCCACTATGATACAGCTTGCTGTGTGTAGTCT	5586
QY	5775	ACTCCGCGTTCAATCCGCGCGACAGAGTTGTGGCGCTTGTGTGACCTTGTGCATATGTTTG	5834

Db	5867	ACTCCGCGTTCAATCCGGCCCGAGGAGTGTGGGGCTTTGACGCTTGTCAATGTTG	5646
Qy	5835	CTTTGACAACAGCAGGGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTTCTACTATGTGCTGTAAGA	5894
Db	5647	CTTTGACAACAGCAGGGCCAGATCACTGGCCCAACAGACTTTCTACTATGTGCTGTAAGA	5704
Qy	5895	GCAACACTGTATGTATATGATGATCTTTATTTGCCACTCTGTGACATCCGACAGAAATATCG	595
Db	5707	GCAACACTGTATGTATATGATGATCTTTATTTGCCACTCTGTGACATCCGACAGAAATATCG	5766
Qy	5955	GCATTCTGGAAGCACTACCCCTGGAGATGATATACGCTTGATCCGTTGGCTCCACA	6014
Db	5767	GCATTCTGGAAGCACTACCCCTGGAGATGATATACGCTTGATCCGTTGGCTCCACA	5826
Qy	6015	CCCCGACGAGGATATGTCGCGGCTCATTTGCTTGGGGGCTGAGATTTGGCAGTATGAT	6074
Db	5827	CCCCGACGAGGATATGTCGCGGCTCATTTGCTTGGGGGCTGAGATTTGGCAGTATGAT	5886
Qy	6075	GCAATTTCTTTGTGTATTTGCTTTAATGTCTTTAAAGCTGAGATTCAGAGATGTTAACA	6134
Db	5887	GCAATTTCTTTGTGTATTTGCTTTAATGTCTTTAAAGCTGAGATTCAGAGATGTTAACA	5946
Qy	6135	TTCCCGGTGTTCCTTTCTACAGCTGCGCAGAGGGGTACAAAGGCCCTTGATTTGATAC	6194
Db	5947	TTCCCGGTGTTCCTTTCTACAGCTGCGCAGAGGGGTACAAAGGCCCTTGATTTGATAC	6006
Qy	6195	GTATGCTCCAAAGCAGCTGCTCATGTCGGGTGCTGAATCATCTTTTCTTGTGAGAATGAT	6254
Db	6007	GTATGCTCCAAAGCAGCTGCTCATGTCGGGTGCTGAATCATCTTTTCTTGTGAGAATGAT	6066
Qy	6255	TTGCAAACTTTACAAAGAGCCAGAACTTGTTCAAATTTACTGAGAGGGCTGTTCAG	6314
Db	6067	TTGCAAACTTTACAAAGAGCCAGAACTTGTTCAAATTTACTGAGAGGGCTGTTCAG	6126
Qy	6315	TCAAGCGTAAAGCTGTGTGGGTGGCTAGACCGGACCCAACTGATTTGACTATGTCTTGCG	6374
Db	6127	TCAAGCGTAAAGCTGTGTGGGTGGCTAGACCGGACCCAACTGATTTGACTATGTCTTGCG	6186
Qy	6375	TCAATTATGCGGTTAGGGACTACTGTATAAATATGAGAAAATGGAGATCACTTTTGTGTA	6434
Db	6187	TCAATTATGCGGTTAGGGACTACTGTATAAATATGAGAAAATGGAGATCACTTTTGTGTA	6246
Qy	6435	CAGCAGTATCCTCTCCAAATGTCTGTTCACCCAGGTGCCCCCAACTTGAAGCTGAC	6494
Db	6247	CAGCAGTATCCTCTCCAAATGTCTGTTCACCCAGGTGCCCCCAACTTGAAGCTGAC	6306
Qy	6495	TGGCGGTGGAAGGGGTACAGGTTCAAGTGTATCTAGGTGAGCCAAAATCTCTTGGACGA	6554
Db	6307	TGGCGGTGGAAGGGGTACAGGTTCAAGTGTATCTAGGTGAGCCAAAATCTCTTGGACGA	6366
Qy	6555	CATCGCTGTGCTTAAAGGCTGTACGAGTAAAGGGTAAACGTTAAGCTTCCCTCCGCG	6614
Db	6367	CATCGCTGTGCTTAAAGGCTGTACGAGTAAAGGGTAAACGTTAAGCTTCCCTCCGCG	6426
Qy	6615	TTGACGCTGACACACTGTGTGTGCGATGTCAACTTAAATTTGCTGATGCACTTGAGACAA	6674
Db	6427	TTGACGCTGACACACTGTGTGTGCGATGTCAACTTAAATTTGCTGATGCACTTGAGACAA	6486
Qy	6675	ATGACTGTATTTCCACAAACAACTCTCTAGTATGAAAGCCGCAGTGTCCGCTCTTGT	6734
Db	6487	ATGACTGTATTTCCACAAACAACTCTCTAGTATGAAAGCCGCAGTGTCCGCTCTTGT	6546
Qy	6735	TCAAACGGAATTTGGGGGTACAAACCAATTTGCTTGAAGGCAATTCAGCTGGGCGTACA	6794
Db	6547	TCAAACGGAATTTGGGGGTACAAACCAATTTGCTTGAAGGCAATTCAGCTGGGCGTACA	6606
Qy	6795	CCACCAAACTGCCAGCCCCCTCC--ATCGAAGAGTATGTGTAAAGAAAGCGCCAGTATCC	6851
Db	6607	CCACCAAACTGCCAGCCCCCTCC--ATCGAAGAGTATGTGTAAAGAAAGCGCCAGTATCC	6666
Qy	6852	GGGCAAGAACTGTTCGTTACTTGTGCTTCCCTCCGAGATCCGTCCCAAGAGTGTAT	6911

Db 6667 GGGCAAGACTGTTCCCTTACCTTCCCTCCCTCCGATCCGTCAGAGATGTCAAT 6726
Qy 6912 GTCTGAAAGCTTCGACGAAAGTGAACCGCTTGAAGAGTCTTTCGAACTTCCTCTCTGAC 6971
Db 6727 GTCTGAAAGCTTCGACGAAAGTGAACCGCTTGAAGAGTCTTTCGAACTTCCTCTGAC 6786
Qy 6972 GACCTGTTCTTAAGTTGGGCATGCGGATCCCTGTTGGGAGCGGGGTGAGTAAACCTT 7031
Db 6787 GACCTGTTCTTAAGTTGGGCATGCGGATCCCTGTTGGGAGCGGGGTGAGTAAACCTT 6846
Qy 7032 TCACTGCAATTGGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGCGCCCTGATATTTAACCAAGTT 7091
Db 6847 TCACTGCAATTGGATGTGCAATGACCGAAACAGCGGAGCGCCCTGATATTTAACCAAGTT 6906
Qy 7092 ACCCTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGGTCAAGCAAAAGTTGGTGCAGCGCTAACACCG 7151
Db 6907 ACCCTCCCAAAAAGAGGTCTCTGAATGGTCAAGCAAAAGTTGGTGCAGCTAACACCG 6966
Qy 7152 TTTCCAGCTACGTTACCTGGCCCCCGCTACCCCTAAGATAGGGGGAAAGGATTCACCTCACT 7211
Db 6967 CTTCAGCTACGTTACCTGGCCCCCGCTACCCCTAAGATAGGGGGAAAGGATTCACCTCACT 7026
Qy 7212 CAGCCCCCGCAAAACGGCTCACAAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGAATTTGCTGCAGCA 7271
Db 7027 CAGCCACCGCCCAACCGGCTTACAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGAATTTGCTGCAGCA 7086
Qy 7272 TGAAGTACACTTGACCGACGATGATTAAGTTGCTTCAAACTGCTTCAAAAGTTGCTGCAG 7331
Db 7087 TGAAGTACACTTGACCGACGATGATTAAGTTGCTTCAAACTGCTTCAAAAGTTGCTGCAG 7146
Qy 7332 CTGCGGCCATCATCTACTGTTTCCCTCAACCAAGATCATTTGGTATGTAAGTCAAGACCG 7391
Db 7147 CTGCGGCCATCATCTACTGTTTCCCTCAACCAAGATCATTTGGTATGTAAGTCAAGACCG 7206
Qy 7392 GGGATCGGAGCTTGAAGAAAAGAGTCACTATTATAGCAACCTCTGTTCCCGCCAT 7451
Db 7207 GGGATCGGAGCTTGAAGAAAAGTCACTATTATAGCAACCTCTGTTCCCGCCAT 7266
Qy 7452 CATACCAACAAGAGTGAATGGCTTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGTCGGTGTCAATGT 7511
Db 7267 CATACCAACAAGAGTGAATGGCTTAAGGAAAAAGCTTCAAAAGTTGTCGGTGTCAATGT 7326
Qy 7512 GGGATCATATGATGAATGAGAGCTCAACGCGCTTAAGTCTGTATAGTCCCAATCACTG 7571
Db 7327 GGGATCATATGATGAATGAGAGCTCAACGCGCTTAAGTCTGTATAGTCCCAATCACTG 7386
Qy 7572 GCGTTGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGACAGCCGCAAGGCTGTTCTGGAATTGCAAG 7631
Db 7387 GCGTTGGGGCACTGATGTTGTTCTGAGAGCGGCCGCAAGGCTGTTCTGGAATTGCAAG 7446
Qy 7632 AGTGTGTCAGAGCAAGTGAATACCGAGTCAATTATCGGCAACTGTGATAGTTCCAAAG 7691
Db 7447 AGTGTGTCAGAGCAAGTGAATACCGAGTCAATTATCGGCAACTGTGATAGTTCCAAAG 7506
Qy 7692 AGAAGGCTTCGGAAGACCCGCCAAGAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTCGT 7751
Db 7507 AGAAGGCTTCGGAAGACCCGCCAAGAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATCTCGT 7566
Qy 7752 ACCCCCACTTGAATAGATGTTGTAAGAGTGTACTACGGTCAAGGTTGCTCTGACG 7811
Db 7567 ACCCCCACTTGAATAGATGTTGTAAGAGTGTACTACGGTCAAGGTTGCTCTGACG 7826
Qy 7812 TAGTTAAAGCTGTCAATGAGATGCGTAACGGGTTTGTAGATCCACGTACCCGTCGACG 7871
Db 7627 TAGTTAAAGCTGTCAATGAGATGCGTAACGGGTTTGTAGATCCACGTACCCGTCGACG 7886
Qy 7872 GTCTGTTGTGATGTGTCAACCGATGCAATCGGAGCAATGAGATGAGTGTGTTG 7931
Db 7687 GTCTGTTGTGATGTGTCAACCGATGCAATCGGAGCAATGAGATGAGTGTGTTG 7746
Qy 7932 ACAGTACCATCAACCCGAGGATATCATGGTGAAGACAGACATCTACTGACAGCTTAAC 7991
Db 7747 ACAGTACCATCAACCCGAGGATATCATGGTGAAGACAGACATCTACTGACAGCTTAAC 7806

Qy 7992 TCAAGTACCAACACCGAGCTGGCATTTCAACCAATTGGAGGAGGATTAATACGCTGAGAC 8051
Db 7807 TCAAGTACCAACACCGAGCTGGCATTTCAACCAATTGGAGGAGGATTAATACGCTGAGAC 7866
Qy 8052 CGATGATCGCTTATGATGAGCGGAGAGATCGATATCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 8111
Db 7867 CGATGATCGCTTATGATGAGCGGAGAGATCGATATCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 7926
Qy 8112 ATACTACTCAAGTTCCAAACAGTTTGAACCTGCTGCTGAAGGATTAATGCTGACCGGAAC 8171
Db 7927 ATACTACTCAAGTTCCAAACAGTTTGAACCTGCTGCTGAAGGATTAATGCTGACCGGAAC 7986
Qy 8172 AGGCTGGATGAAGAACCTGCTCTCTTAATTGGGCGCATGATTGACCGTAAATTGGA 8231
Db 7987 AGGCTGGATGAAGAACCTGCTCTCTTAATTGGGCGCATGATTGACCGTAAATTGGA 8046
Qy 8232 AGAGCGCGGAGCAGATGACGACAAACAAAGCAATGCTGCTTGTGCTAGCTGATGAAG 8291
Db 8047 AGAGCGCGGAGCAGATGACGACAAACAAAGCAATGCTGCTTGTGCTAGCTGATGAAG 8106
Qy 8292 TGAATGGTGCACCAACAGATTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGAAGAAATTAACAT 8351
Db 8107 TGAATGGTGCACCAACAGATTGTGCTCAACCCAAATACAGTTTGAAGAAATTAACAT 8166
Qy 8352 CATGCTCATCAATGTTACCTCTGGAATTAACAAAGTGGCAGCCTTACTACTTCTTA 8411
Db 8167 CATGCTCATCAATGTTACCTCTGGAATTAACAAAGTGGCAGCCTTACTACTTCTTA 8226
Qy 8412 CAAGAGATCTGTGATATCCCTCTGGACAGGTGCTTGGGAGGTCTGGATACACCCCA 8471
Db 8227 CAAGAGATCTGTGATATCCCTCTGGACAGGTGCTTGGGAGGTCTGGATACACCCCA 8286
Qy 8472 GTGCTGCTGGAATGGGATCTTAATATCATCTACCTACCTGTTGGGATGACCGGTGT 8531
Db 8287 GTGCTGCTGGAATGGGATCTTAATATCATCTACCTACCTGTTGGGATGACCGGTGT 8346
Qy 8532 TGGCTGTCCATTTCAATGAGAGAGATGCTTTTGAAGACAACTTCCGAGACGGTACCT 8591
Db 8347 TGGCTGTCCATTTCAATGAGAGAGATGCTTTTGAAGACAACTTCCGAGACGGTACCT 8406
Qy 8592 TTGACTGTATGGGAAAAATTAACGAGTCTGTGAGAGATGCTGCCAGATCATTTGCTG 8651
Db 8407 TTGACTGTATGGGAAAAATTAACGAGTCTGTGAGAGATGCTGCCAGATCATTTGCTG 8466
Qy 8652 GTGTGACCGTATATGAGCTTTCTGAGTGTGCGCTACACCAACGCTGAGATCTCAGAG 8711
Db 8467 GTGTGACCGTATATGAGCTTTCTGAGTGTGCGCTACACCAACGCTGAGATCTCAGAG 8526
Qy 8712 TTTCCCAATCACTTAACAGACATGACCATGCCCCCTGCGAGCTGCGGAAAAAGGCA 8771
Db 8527 TTTCCCAATCACTTAACAGACATGACCATGCCCCCTGCGAGCTGCGGAAAAAGGCA 8586
Qy 8772 GGGCGGTCTCGGCAAGCGCAAGAGGCTGTGGAGACACAGCAAAATTTGCTGCTTCC 8831
Db 8587 GGGCGGTCTCGGCAAGCGCAAGAGGCTGTGGAGAGCGCAACAG--AAATTTGCTGCTTCC 8645
Qy 8832 TTTCTGCGATGCTAATCTAAGCTCTAAGCTTGAATTTGAAGAGAGGTGGCTGCT 8891
Db 8646 TTTCTGCGATGCTAATCTAAGCTCTAAGCTTGAATTTGAAGAGAGGTGGCTGCT 8705
Qy 8892 ACACCACTTCAATTAATGATGTTTAACTCCCGGAGGGGAGTGTATTAAACACAC 8951
Db 8706 ACACCACTTCAATTAATGATGTTTAACT--CCGAGAGGAGATGTTATTAAACACAC 8764
Qy 8952 AGAAGAAATTCAGAAAGTTCTTGTGAAGATTTTGCTGTCATTTGTTTCCCTAGGCG 9011
Db 8765 AGAAGAAATTCAGAAAGTTCTTGTGAAGATTTTGCTGTCATTTGTTTCCCTAGGCG 8824
Qy 9012 TCAATTGCTGTGATTAAGCAATCAAGCTGAACCCCAATTAATTAACAGTTT 9071
Db 8825 TCAATTGCTGTGATTAAGCAATCAAGCTGAACCCCAATTAATTAACAGTTT 8884

QY 9072 TTTTTTTTTTTTTTTTTT 9090
Db 8885 TTTTTTTTTTTTTTTTTT 8903

RESULT 14

US-08-469-260A-80
Sequence 80, Application US/08469260A
Patent No. 6451578
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: JOHN N. SIMONS
APPLICANT: TAMM J. PILOT-MATIAS
APPLICANT: GEORGE J. DAWSON
APPLICANT: GEORGE G. SCHLAIDER
APPLICANT: SURESH M. DESAI
APPLICANT: THOMAS P. LEARY
APPLICANT: ANTHONY SCOTT MUEBHOFF
APPLICANT: JAMES C. ERKER
APPLICANT: SHERI L. BUIK
APPLICANT: ISA K. MUSHAMMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESSES:
ADDRESSEE: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/469,260A
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: POREBSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 80:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 4268 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-469-260A-80

Query Match 44.2%; Score 4152.6; DB 3; Length 4268;
Best Local Similarity 98.0%; Pred. No. 0;
Matches 4211; Conservative 20; Mismatches 34; Indels 30; Gaps 2;

QY 3456 TGGCTCATCCACAGGCTCTATACACCCATAACCGTTGACGGGCTAATGACGAGCA 3515
Db 1 TGGCTCATCCACAGGCTCTATACACCCATAACCGTTGACGGGCTAATGACGAGCA 60

QY 3516 TCTATCAACACCATGTGAGCTGGGTCCTTACTCGGTCTCTTGCGGGAGACCAAG 3575
Db 61 TCTATCAACACCATGTGAGCTGGGTCCTTACTCGGTCTCTTGCGGGAGACCAAG 120

QY 3576 GGTATCTGTGAACAGCATGGGGTCAATGGTGAAGGTCAACAAATCCATGACCTTATT 3635
Db 121 GGTATCTGTGAACAGCATGGGGTCAATGGTGAAGGTCAACAAATCCATGACCTTATT 180

QY 3636 GGTGTGTGTCGGGGCCCTTCCCATGCTGTGGCAAGGGTCTTGAGGTGCCCGCATTC 3695
Db 181 GGTGTGTGTCGGGGCCCTTCCCATGCTGTGGCAAGGGTCTTGAGGTGCCCGCATTC 240

QY 3696 TGTGCTCTCCGGGCAATGTTATTTGGAGTTCACCGCTCTAGAAATTTCTGCGGTTCA 3755
Db 241 TGTGCTCTCCCGGGGATGTTATTTGGAGTTCACCGCTCTAGAAATTTCTGCGGTTCA 300

QY 3756 TCAAGCAATTAGGGTTGGCCGTTGGTGTGCTGAGTATCCATCCCGTACACAGC 3815
Db 301 TCGGCAGATTAGGGTTGGCCGTTGGTGTGCTGAGTATCCATCCCGTACACAGC 360

QY 3816 ATGCCACTTGTGATCAAAACCTACTGTGCTAAGAGATTCAAGTCAAAATTTAATG 3875
Db 361 ATGCCACTTGTGATCAAAACCTACTGTGCTAAGAGATTCAAGTCAAAATTTAATG 420

QY 3876 CCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAACCAATTACACTTTCTTACATGACGAGAGATATG 3935
Db 421 CCCCCACTGGCAGCGGCAAGTCAACCAATTACACTTTCTTACATGACGAGAGATATG 480

QY 3936 AGGTCTGGTCTTAATCCAGTGTGCTACCAACGACATCAATGCCAAAGTACATGACAG 3995
Db 481 AGGTCTGGTCTTAATCCAGTGTGCTACCAACGACATCAATGCCAAAGTACATGACAG 540

QY 3996 CGACGTACGGCGTGAATCCAAATTTCTAATTTAATGCAAAATGTACCAACAGGGGCTT 4055
Db 541 CGACGTACGGCGTGAATCCAAATTTCTAATTTAATGCAAAATGTACCAACAGGGGCTT 600

QY 4056 CACTTACGTACGACATATGCGATGACCTGACCGGAGCATGTTCCGGAACTATGATG 4115
Db 601 CACTTACGTACGACATATGCGATGACCTGACCGGAGCATGTTCCGGAACTATGATG 660

QY 4116 TAAATATTGTAGCAAGTGCATGCTACCGATGCAACACCGTGTGGCATTTGGAAG 4175
Db 661 TAAATATTGTAGCAAGTGCATGCTACCGATGCAACACCGTGTGGCATTTGGAAG 720

QY 4176 TCTTAACGGAAGCTCCATCCAAAAATGTTAGCTGTGTTCTTCCACAGGCTACCCCC 4235
Db 721 TCTTAACGGAAGCTCCATCCAAAAATGTTAGCTGTGTTCTTCCACAGGCTACCCCC 780

QY 4236 CTGAGTATCTCTTACACCAATGCGCAATTAAGTGAATTAACCGATGAAGGA 4295
Db 781 CTGAGTATCTCTTACACCAATGCGCAATTAAGTGAATTAACCGATGAAGGA 840

QY 4296 CTATCCCTTTCATGGAAGGAAATTAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAAACCTTA 4355
Db 841 CTATCCCTTTCATGGAAGGAAATTAAGAGGAAATCTGAAGAAAGGAAACCTTA 900

QY 4356 TCTTTGAGGCTACCAAAACCACTGTGATGAGCTTGTAAACGAGTTAGCTCGAAAGGAA 4415
Db 901 TCTTTGAGGCTACCAAAACCACTGTGATGAGCTTGTAAACGAGTTAGCTCGAAAGGAA 960

QY 4416 TAAACGCTGTCTTACTATAGGGGATGATCATCTCAAAATCCCTGAGGGGCACTGTG 4475
Db 961 TAAACGCTGTCTTACTATAGGGGATGATCATCTCAAAATCCCTGAGGGGCACTGTG 1020

QY 4476 TAGTAGTGCACATGATGCTTGTGTACAGGTTACATGCTTGAATTCGGGTATG 4535
Db 1021 TAGTAGTGCACATGATGCTTGTGTGTACAGGTTACATGCTTGAATTCGGGTATG 1080

QY 4536 ACTGCAGCCTCATGTTAGAGGACATGCTGATGAGCTTGAACCTTACTTACCATG 4595
Db 1081 ACTGCAGCCTCATGTTAGAGGACATGCTGATGAGCTTGAACCTTACTTACCATG 1140

QY 4596 GTGTTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATGTTAAAGGCAAGTGAAGGGGCGCACAGGC 4655
Db 1141 GTGTTGTGTGCGGGGTTTCAAGCAATGTTAAAGGCAAGTGAAGGGGCGCACAGGC 1200

QY 4656 GTGGAGAGCTGGCATATATCTATGTAGACGGAGTTGTAACCCCTTGGGTATGTTTC 4715
Db 1201 GTGGAGAGCTGGCATATATCTATGTAGACGGAGTTGTAACCCCTTGGGTATGTTTC 1260

QY	4716	CTGAATGCAATTTGTTGAACCTTTCGACGACGCAAGCATGTAATGTTTGATCA	4775
Db	1261	CTGAATGCAATTTGTTGAACCTTTCGACGACGCAAGCATGTAATGTTTGATCA	1320
QY	4776	CAGAAGCTCAACATTTCTGGACACATATGCAACCCAAACCGGGTTACCTGGCATAGAG	4835
Db	1321	CAGAAGCTCAACATTTCTGGACACATATGCAACCCAAACCGGGTTACCTGGCATAGAG	1380
QY	4836	CAAAATTTGACAGATGGAGCTGATCTCTTTTCTATGATCAACCCGAAACCTTCATTTGTCA	4895
Db	1381	CAAAATTTGACAGATGGAGCTGATCTCTTTTCTATGATCAACCCGAAACCTTCATTTGTCA	1440
QY	4896	ATACTGCAAAAAGAACTGCTGACAAATTAATGTTTGTGATGTCGACGCCACTACATCTGT	4955
Db	1441	ATACTGCAAAAAGAACTGCTGACAAATTAATGTTTGTGATGTCGACGCCACTACATCTGT	1500
QY	4956	GTCATACGTATAGGCTATGCTGCTGCCAATGACACACACGGTGGACGGAGCCGGGCTTG	5015
Db	1501	GTCATACGTATAGGCTATGCTGCTGCCAATGACACACACGGTGGACGGAGCCGGGCTTG	1560
QY	5016	GGAIAAAAAACCTTGTGGGGTTCTGTGGGCTTTGACACGGCGCTGACGCGCTGTCTGGCCAG	5075
Db	1561	GGAIAAAAAACCTTGTGGGGTTCTGTGGGCTTTGACACGGCGCTGACGCGCTGTCTGGCCAG	1620
QY	5076	AGCCGACGAGAGTGAACAGATACCAAAATGTGCTTCACTGAAGTAATCTTGGGACAG	5135
Db	1621	AGCCGACGAGAGTGAACAGATACCAAAATGTGCTTCACTGAAGTAATCTTGGGACAG	1680
QY	5136	CCGACATCGCTGTGGCGGTGGAGATGGGCTATAGGCTTATCTAGCAATGACACTTTGGCG	5195
Db	1681	CCGACATCGCTGTGGCGGTGGAGATGGGCTATAGGCTTATCTAGCAATGACACTTTGGCG	1740
QY	5196	CCACTTGTGTACGGGCTGTGCTGTCTATGATCAAGTCCCTACCGGTCATCTGTCGCC	5255
Db	1741	CCACTTGTGTGTGGCGCTGTGCTGTCTATGATCAAGTCCCTACCGGTCATCTGTCGCC	1800
QY	5256	CAGTGTGTGACGAAGAAATCGTGAGAGATGTGCATCTCAATTCCTTGGAGGCCA	5315
Db	1801	CAGTGTGTGACGAAGAAATCGTGAGAGATGTGCATCTCAATTCCTTGGAGGCCA	1860
QY	5316	TGGTTGCTGCAATGATPAAAGCTGAAGATPAAATPACACAACTPAAAGTCTTTCACATTTGG	5375
Db	1861	TGGTTGCTGCAATGATPAAAGCTGAAGATPAAATPACACAACTPAAAGTCTTTCACATTTGG	1920
QY	5376	AAACCGACCTTGAIAAAAACTTAACAACCTTCTTGGGGCTCAGACAGCTAACATCTCTTGTA	5435
Db	1921	AAACCGACCTTGAIAAAAACTTAACAACCTTCTTGGGGCTCAGACAGCTAACATCTCTTGTA	1980
QY	5436	TCATPAGATATGCTGTGTTAGTCACTTTTACCTGACAAATCCCTTGGCATCATGCTGT	5495
Db	1981	TCATPAGATATGCTGTGTTAGTCACTTTTACCTGACAAATCCCTTGGCATCATGCTGT	2040
QY	5496	TTGCTTTTATTTGGGGTATTAATPAAACCCCACTAACCTCAAAATGTTTCCGTGAT	5555
Db	2041	TTGCTTTTATTTGGGGTATTAATPAAACCCCACTAACCTCAAAATGTTTCCGTGAT	2100
QY	5556	TATTTGAGAGCGCAATTTGCTGCAAGCTTACAGACGCTAGAGAGCGCACTGCGCTTATGA	5615
Db	2101	TATTTGAGAGCGCAATTTGCTGCAAGCTTACAGACGCTAGAGAGCGCACTGCGCTTATGA	2160
QY	5616	TGGCCGGGGGCTGCGGGAAACAGCTTGGTACATGACATCGGTGGGGTTTGTCTTTGACA	5675
Db	2161	TGGCCGGGGGCTGCGGGAAACAGCTTGGTACATGACATCGGTGGGGTTTGTCTTTGACA	2220
QY	5676	TGCTTAGCGGGCTATGCTGCGGCTTATCACTGCTGCTTGAACATTTAAAGCTTTGATGG	5735
Db	2221	TGCTTAGCGGGCTATGCTGCGGCTTATCACTGCTGCTTGAACATTTAAAGCTTTGATGG	2280
QY	5736	GTAAGTGGCCCACTATGATCAGCTGTGCGGTTTATGTTACTCCGCGCTTCAATCCGCGCG	5795
Db	2281	GTAAGTGGCCCACTATGATCAGCTGTGCGGTTTATGTTACTCCGCGCTTCAATCCGCGCG	2340
QY	5796	CAGAGTGTGGGCGCTTGTTCAGCTTGTGCAATGTTTGTGACAAACAGACGGGCGAG	5855

Db	2341	CAGAGATTGTTGGGGCTCTTGTCAGCTTGTCAGATGTTTGCTTTACACAGCAGAGGCCG	2400
QY	5856	ATCACTGGCCCAACGACTTCTTACTATGCTTGCTAGAGACACACTGTATGTATAGT	5915
Db	2401	ATCATGGGCCCAACGACTTCTTACTATGCTTGCTAGAGACACACTGTATGTATAGT	2460
QY	5916	ACTTTATTGCCACTGCTGACATCCGACAGAAAGATACTGGGCACTTCTGAGGCATCTACCC	5975
Db	2461	ACTTTATTGCCACTGCTGACATCCGACAGAAAGATACTGGGCACTTCTGAGGCATCTACCC	2520
QY	5976	CCTGGAGGTGATATACAGCTTGCAATCCGTTGGGCTCACACCCCGACGGAGATGTTGCG	6035
Db	2521	CCTGGAGGTGATATACAGCTTGCAATCCGTTGGGCTCACACCCCGACGGAGATGTTGCG	2580
QY	6036	GCCCTATTGCTTGGGGCTCTAGAGATTTGGCAGTATGTTGTGCATTTCTTTGATTTTGCT	6095
Db	2581	GCCCTATTGCTTGGGGCTCTAGAGATTTGGCAGTATGTTGTGCATTTCTTTGATTTTGCT	2640
QY	6096	TTTAATGTCCTTAAAGCTGGAAGTCAAGACATGTTTAACATTCCTGCTGTGCTCTTTACACA	6155
Db	2641	TTTAATGTCCTTAAAGCTGGAAGTCAAGACATGTTTAACATTCCTGCTGTGCTCTTTACACA	2700
QY	6156	GCTGCGAAGAGGGGTACAGAGGGCCCTGGATGTGATACAGTATGCTCCAAACACGCTGTC	6215
Db	2701	GCTGCGAAGAGGGGTACAGAGGGCCCTGGATGTGATACAGTATGCTCCAAACACGCTGTC	2760
QY	6216	CATGCGGTCGTAACATCATCTTTCTGTGGAATGTTTGGCAAACTTTTACAAAGAC	6275
Db	2761	CATGCGGTCGTAACATCATCTTTCTGTGGAATGTTTGGCAAACTTTTACAAAGAC	2820
QY	6276	CCAGAACTTGTTCAAATTTACTGAGAGGGGCTGTTCATGTCACGCTTAGGCTGTGGGT	6335
Db	2821	CCAGAACTTGTTCAAATTTACTGAGAGGGGCTGTTCATGTCACGCTTAGGCTGTGGGT	2880
QY	6336	CGGCTAAGCCGGACCCCACTGATTTGAGTACTGTGTCGTCAATTAATGCGGTATGGGACT	6395
Db	2881	CGGCTAAGCCGGACCCCACTGATTTGAGTACTGTGTCGTCAATTAATGCGGTATGGGACT	2940
QY	6396	ACTGTAATATAGAGAAATGGAGATCATTTTGTGTACAGCAATATCCTCCAAATG	6455
Db	2941	ACTGTAATATAGAGAAATGGAGATCATTTTGTGTACAGCAATATCCTCCAAATG	3000
QY	6456	TCTGTTTACCCAGGTGCCCAACTTTGAGAGCTGACAGTGGCGGTGACGGCGCTTACAG	6515
Db	3001	TCTGTTTACCCAGGTGCCCAACTTTGAGAGCTGACAGTGGCGGTGACGGCGCTTACAG	3060
QY	6516	TTGAGTGTATCTAGGTGAGGCCCAAACTCCTTGGAGCAATCTGCTGCTTATACGAT	6575
Db	3061	TTGAGTGTATCTAGGTGAGGCCCAAACTCCTTGGAGCAATCTGCTGCTTATACGAT	3120
QY	6576	CTGACGGTAAAGGTAAAACTGTAAAGTCCCTTCCGCGTGTGACGCTCACACCTGGTG	6635
Db	3121	CTGACGGTAAAGGTAAAACTGTAAAGTCCCTTCCGCGTGTGACGCTCACACCTGGTG	3180
QY	6636	TGCGCATGCAACTTAATTTGCGTATGCACTTGAAGACAAATGACTGTATTTCCATTAACA	6695
Db	3181	TGCGCATGCAACTTAATTTGCGTATGCACTTGAAGACAAATGACTGTATTTCCATTAACA	3240
QY	6696	ACACTCCCTAAGTAAACCCGACAGTCCGCTCTTGTTTCAAAACAGGAGTTGGCGGCTA	6755
Db	3241	ACACTCCCTAAGTAAACCCGACAGTCCGCTCTTGTTTCAAAACAGGAGTTGGCGGCTA	3300
QY	6756	CAAAACAATTCCTTGAAGCAATTTCACTGACGCTGTGACCAACCAACCTGACAGCCCT	6815
Db	3301	CAAAACAATTCCTTGAAGCAATTTCACTGACGCTGTGACCAACCAACCTGACAGCCCT	3360
QY	6816	CC--ATCGAAGAGGTAGTGTGTAAGAAAGGCTCAGTTCCGCGCAAGAACTGTTGCTTTA	6877
Db	3361	CCCAATCGAAGAGGTAGTGTGTAAGAAAGGCTCAGTTCCGCGCAAGAACTGTTGCTTTA	3420
QY	6873	CCTTGCTTCCCTCCGAGATCCGTTCCAGGAGTGTCAATGTCGTAAGGCTGCAACGAA	6933

Db 3421 CCTGCTCCCTCCGAGATCGTCCAGAGGTGATGTCCTGAAGCCTGACAGAA 3480
Qy 6933 GTGACCCGTTAGAGAGTCTTCAAACTCTCCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCA 6992
Db 3481 GTGACCCGTTAGAGAGTCTTCAAACTCTCCTTCAACACCTGTTCTACAGTTGGCCA 3540
Qy 6993 TCCCGATGCTGTTGGAGCGGGTGAAGTGAACCTTTCACTGCAATTTGATGTGCA 7052
Db 3541 TCCCGATGCTGTTGGAGGAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3600
Qy 7053 TGACGAAACAGGCGGAGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7112
Db 3601 TGACGAAACAGGCGGAGCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3660
Qy 7113 CTGAATGTCAGACGAAAGTTGTGAGCGGCTACACCGTTTCACTGATGATGATGATG 7172
Db 3661 CTGAATGTCAGACGAAAGTTGTGAGCGGCTACACCGTTTCACTGATGATGATGATG 3720
Qy 7173 CCGCGTACCTTAAGATACGGGGAAGATTCATCACTGATGATGATGATGATGATGATG 7232
Db 3721 CCGCGTACCTTAAGATACGGGGAAGATTCATCACTGATGATGATGATGATGATGATG 3780
Qy 7233 CAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7292
Db 3781 CAAAAAGAGTTGGGAAAGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3840
Qy 7293 TGATTAAGTTCAAACTGCTTCTAAAGTTCTGTGCAACTGCGGCGCATCACTAGTGT 7352
Db 3841 TGATTAAGTTCAAACTGCTTCTAAAGTTCTGTGCAACTGCGGCGCATCACTAGTGT 7390
Qy 7353 TCTTCAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7412
Db 3901 TCTTCAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3960
Qy 7413 AAAAGTCACTTAATTAAGCAACTCTGTTCCCGCCCATCAACCAAGCAAGCAAGT 7472
Db 3961 AAAAGTCACTTAATTAAGCAACTCTGTTCCCGCCCATCAACCAAGCAAGCAAGT 4020
Qy 7473 TGGCTAAGGAAAGAGTCTTCAAAAGTTGTGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATG 7532
Db 4021 TGGCTAAGGAAAGAGTCTTCAAAAGTTGTGAGTGTGATGATGATGATGATGATGATG 4080
Qy 7533 CTGACACGCGCTCTAAGTCTGTAAGTCCCATCATCTGCGCTTGGGGCACTGATGTT 7592
Db 4081 CTGACACGCGCTCTAAGTCTGTAAGTCCCATCATCTGCGCTTGGGGCACTGATGTT 4135
Qy 7593 GTTCTGAGAGAGCGCGCAAGGCTGTTCTGAGACTTGCAAGAGTGTGCAAGGCAAGTGA 7652
Db 4136 GTTCTGAGAGAGCGCGCAAGGCTGTTCTGAGACTTGCAAGAGTGTGCAAGGCAAGTGA 4173
Qy 7653 TACGAGTCAATTAATGCGCAAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 7712
Db 4174 TACGAGTCAATTAATGCGCAAACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4233
Qy 7713 CCGAGAAACCAAGAAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 7747
Db 4234 CCGAGAAACCAAGAAAGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 4268

RESULT 15
US-08-488-446-80
; Sequence 80, Application US/08488446
; Patent No. 6558898

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: JOHN N. SIMONS
APPLICANT: TAMT J. PILOT-MATTIAS
APPLICANT: GEORGE J. DAMSON
APPLICANT: GEORGE G. SCHLAUDER
APPLICANT: SURESH M. DESAI
APPLICANT: THOMAS P. LEARY
APPLICANT: ANTHONY SCOTT MUEHRHOF
APPLICANT: JAMES C. ERKER
APPLICANT: SHERI L. BUIJK

APPLICANT: ISA K. MUSHAMMAR
TITLE OF INVENTION: NON-A, NON-B, NON-C, NON-D, NON-E HEPATITIS
TITLE OF INVENTION: REAGENTS AND METHODS FOR THEIR USE
NUMBER OF SEQUENCES: 716
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESS: ABBOTT LABORATORIES D377/AP6D
STREET: 100 ABBOTT PARK ROAD
CITY: ABBOTT PARK
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60064-3500
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/488,446
FILING DATE:
CLASSIFICATION:
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/424,550
FILING DATE:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: FOREMSKI, PRISCILLA E.
REGISTRATION NUMBER: 33,207
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 5527.PC.01
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: 708-937-6365
TELEFAX: 708-938-2623
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 80:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 4268 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-488-446-80

Query Match 44.2%; Score 4152.6; DB 3; Length 4268;
Best Local Similarity 98.0%; Pred. No. 0;
Matches 4211; Conservative 20; Mismatches 34; Indels 30; Gaps 2;

Qy 3456 TGGCTCATCCCAAGGCTCTATATACCAACCAATTAACCGGCTATATGACCAAGACA 3515
Db 1 TGGCTCATCCCAAGGCTCTATATACCAACCAATTAACCGGCTATATGACCAAGACA 60
Qy 3516 TCTATCAACCAATGATGAGAGTGGTCTCTTACTGCTGCTCTTGGGGAGACCAAG 3575
Db 61 TCTATCAACCAATGATGAGAGTGGTCTCTTACTGCTGCTCTTGGGGAGACCAAG 120
Qy 3576 GGTATGCTGAACAGAGTGGGCTCATGTTGAGAGTCAACAAATCCGATGACCTTTAT 3635
Db 121 GGTATGCTGAACAGAGTGGGCTCATGTTGAGAGTCAACAAATCCGATGACCTTTAT 180
Qy 3636 GGTGATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 3695
Db 181 GGTGATGATGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 240
Qy 3696 TGTCTCTCTCCGGGAGTGTATGAGATGTTACCGCTGCTAGAAATTTGGGGTTGAG 3755
Db 241 TGTCTCTCTCCGGGAGTGTATGAGATGTTACCGCTGCTAGAAATTTGGGGTTGAG 3800
Qy 3756 TCAATGATTAAGGTTAGGCGCTGAGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATG 3815
Db 301 TCGGCAAGATTAGGTTAGGCGCTGAGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATG 3860
Qy 3816 ATGCACTCTGATACAAACCTACTGCTGCTAAGATATTCAGTGAATTTTAAATG 3875
Db 361 ATGCACTCTGATACAAACCTACTGCTGCTAAGATATTCAGTGAATTTTAAATG 420
Qy 3876 CCGCCACTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG 3935

Db 421 CCCCCATGGCAGCGGCAAGTCAACCAATTACACTTTCTTAACATGCAGGGAAGTATG 480
QY 3936 AGGTCTTGGTCTTAATCCCAAGTGTGGCTTACACACAGCATCAATGCCAAATGATCATGACG 3995
Db 481 AGGTCTTGGTCTTAATCCCAAGTGTGGCTTACACACAGCATCAATGCCAAATGATCATGACG 540
QY 3996 CAGCGTACGCGCGGATTCGCAAAATGCTATTTTAAATGGCAAAATGATCAACACAGGGGGCTT 4055
Db 541 CAGCGTACGCGCGGATTCGCAAAATGCTATTTTAAATGGCAAAATGATCAACACAGGGGGCTT 600
QY 4056 CACTTACGTACAGCACAATATGCGATGTACCTGACCGGACATGTTCCCGAACTATGATG 4115
Db 601 CACTTACGTACAGCACAATATGCGATGTACCTGACCGGACATGTTCCCGAACTATGATG 660
QY 4116 TAAATCAATTTGTGACGAATGCGATGCTACCGATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAAG 4175
Db 661 TAAATCAATTTGTGACGAATGCGATGCTACCGATGCAACACCGTGTGGGCAATGGAAAG 720
QY 4176 TCCTAACCGAAGCTCATCCAAAAATGTTAAGGCTAGTGGTCTTGCACGGGCTACCCGCC 4235
Db 721 TCCTAACCGAAGCTCATCCAAAAATGTTAAGGCTAGTGGTCTTGCACGGGCTACCCGCC 780
QY 4236 CTGGAGTAAATCCCTTACACACATGCGCACAATATCTGAGATTCAATTACCGATGAGAGCA 4295
Db 781 CTGGAGTAAATCCCTTACACACATGCGCACAATATCTGAGATTCAATTACCGATGAGAGCA 840
QY 4296 CTATCCCTCTTTCATGGAATAAAGATTAAAGAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTAA 4355
Db 841 CTATCCCTCTTTCATGGAATAAAGATTAAAGAGAGAAATCTGAAGAAAGGAGACACTTAA 900
QY 4356 TCTTTAGGCTACCAAAAAACACTGTGATGAGCTTCTAAACGATTAGCTCGAAAGAGAA 4415
Db 901 TCTTTAGGCTACCAAAAAACACTGTGATGAGCTTCTAAACGATTAGCTCGAAAGAGAA 960
QY 4416 TTAACAGCTGTCTTCTAATAGGGAGTGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTG 4475
Db 961 TTAACAGCTGTCTTCTAATAGGGAGTGTGACATCTCAAAAATCCCTGAGGGGCACTGTG 1020
QY 4476 TAAATAGTGCACATGATGCTTGTGTACAGGGTACACTGTGACTTTGATTCGGTGTATG 4535
Db 1021 TAAATAGTGCACATGATGCTTGTGTACAGGGTACACTGTGACTTTGATTCGGTGTATG 1080
QY 4536 ACTGCAAGCTCATGATGAGAGAGGACATGCGCATGTGACCTTGACCTTACCTTACCATG 4595
Db 1081 ACTGCAAGCTCATGATGAGAGAGGACATGCGCATGTGACCTTGACCTTACCTTACCATG 1140
QY 4596 GTGTTGTGTGTGCGGGGTTTTCAGCAATAGTTAAAGGCGCAGCGTAGGGGCGGCACAGGCC 4655
Db 1141 GTGTTGTGTGTGCGGGGTTTTCAGCAATAGTTAAAGGCGCAGCGTAGGGGCGGCACAGGCC 1200
QY 4656 GTGGAAGAGCTGGCATATATCTATATGTAGACGGAGTTGTACCCCTTGGGATATGGTTTC 4715
Db 1201 GTGGAAGAGCTGGCATATATCTATATGTAGACGGAGTTGTACCCCTTGGGATATGGTTTC 1260
QY 4716 CTGAATGCAACATGTTGTAAGCCTTGAAGCAGCAGCAAGGATGTTATGTTTGTCAATCA 4775
Db 1261 CTGAATGCAACATGTTGTAAGCCTTGAAGCAGCAGCAAGGATGTTATGTTTGTCAATCA 1320
QY 4776 CAGAACTCAAACTAATCTGACACCTATTCGACCCAACTGTGGTTTACTGCGATAGAG 4835
Db 1321 CAGAACTCAAACTAATCTGACACCTATTCGACCCAACTGTGGTTTACTGCGATAGAG 1380
QY 4836 CAAATTTGACGAGTGGGCTGATCTCTTTCTATGTGTCAACCCGAACTTCAATTTGTCA 4895
Db 1381 CAAATTTGACGAGTGGGCTGATCTCTTTCTATGTGTCAACCCGAACTTCAATTTGTCA 1440
QY 4896 ATATCTCAAAAAAACAATGCAATTAATGTTTGTGACTGACGCCAACTGCAACTGT 4955
Db 1441 ATATCTCAAAAAAACAATGCAATTAATGTTTGTGACTGACGCCAACTGCAACTGT 1500
QY 4956 GTCATCATGATGCTATGCTGCTCCCAATGACCAACGCGTGGCAGGAGCCCGGCTTG 5015
Db 1501 GTCATCATGATGCTATGCTGCTCCCAATGACCAACGCGTGGCAGGAGCCCGGCTTG 1560

QY 5016 GGAATAAACCTTGTGGGGGTTCTGTGGCGCTTGGACGGGCTGACGCGCTGCTCGGGCCAG 5075
Db 1561 GGAATAAACCTTGTGGGGGTTCTGTGGCGCTTGGACGGGCTGACGCGCTGCTCGGGCCAG 1620
QY 5076 AGCCGAGGAGGTGACGAGATACCAATGTGCTTACAGTAATGATATCTTGTGGACAG 5135
Db 1621 AGCCGAGGAGGTGACGAGATACCAATGTGCTTACAGTAATGATATCTTGTGGACAG 1680
QY 5136 CCGCACTGCTGTGGCGTTGGAGTGGCTATGCTTATTTAGCAATGACACTTTTGGCG 5195
Db 1681 CCGCACTGCTGTGGCGTTGGAGTGGCTATGCTTATTTAGCAATGACACTTTTGGCG 1740
QY 5196 CCACCTTGTGTGGGGGTTGCTGCTATTTGATTCAGTCCCTACCGGGTGTACTGTGCGCC 5255
Db 1741 CCACCTTGTGTGGGGGTTGCTGCTATTTGATTCAGTCCCTACCGGGTGTACTGTGCGCC 1800
QY 5256 CAGTGGTTGACGAGAAAGAAATCGTGAGAGTGTGATCATTTCAATCCCTTGGAGGCCA 5315
Db 1801 CAGTGGTTGACGAGAAAGAAATCGTGAGAGTGTGATCATTTCAATCCCTTGGAGGCCA 1860
QY 5316 TGGTTGCTGCAATGCATTAAGCTGAAGAGTACATCAACCAACTGTCTTTCACATTGG 5375
Db 1861 TGGTTGCTGCAATGCATTAAGCTGAAGAGTACATCAACCAACTGTCTTTCACATTGG 1920
QY 5376 AAAACGCGCTTGAAAAACCTTAACACCTTTCTTGGGCGTATGACAGCTCAATCCCTTGTCTA 5435
Db 1921 AAAACGCGCTTGAAAAACCTTAACACCTTTCTTGGGCGTATGACAGCTCAATCCCTTGTCTA 1980
QY 5436 TCATAGAGTATGCTGTGGTTTAACTTACCTTACCTGACAAATCCCTTGTGATGCGTGT 5495
Db 1981 TCATAGAGTATGCTGTGGTTTAACTTACCTTACCTGACAAATCCCTTGTGATGCGTGT 2040
QY 5496 TTGCTTTCAATTCGGGATTAATCAACCCCACTACCTGACAAATCAAAATGTTCTGTCAAT 5555
Db 2041 TTGCTTTCAATTCGGGATTAATCAACCCCACTACCTGACAAATCAAAATGTTCTGTCAAT 2100
QY 5556 TATTTGAGGGGCGCAATTTGGGTGCAAGCTTACAGAGCTTGAAGGCGCATGCGGCTTCATGA 5615
Db 2101 TATTTGAGGGGCGCAATTTGGGTGCAAGCTTACAGAGCTTGAAGGCGCATGCGGCTTCATGA 2160
QY 5616 TGGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTGTACATGACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACA 5675
Db 2161 TGGCGGGGCTGCGGGAACAGCTCTTGTGTACATGACATCGGTGGGTTTGTCTTTGACA 2220
QY 5676 TECTTAGCGGCTATGCTGCGGCTCATCACTGCTTGTGACATTTAATGCTTGAATGG 5735
Db 2221 TECTTAGCGGCTATGCTGCGGCTCATCACTGCTTGTGACATTTAATGCTTGAATGG 2280
QY 5736 GTGAGTGGCCCATATGATGATGACCTTGTGATGCTTGTGATGCTTGTGATGCTTGTGATG 5795
Db 2281 GTGAGTGGCCCATATGATGATGACCTTGTGATGCTTGTGATGCTTGTGATGCTTGTGATG 2340
QY 5796 CAGAGTGTGTGGCGCTTGTGTGAGCTTGTGCAATGTTTGTCTTGAACAAGAGGGCCAG 5855
Db 2341 CAGAGTGTGTGGCGCTTGTGTGAGCTTGTGCAATGTTTGTCTTGAACAAGAGGGCCAG 2400
QY 5856 ATGACTGGCCCAACAGACTTCTTAATATGCTTGTGTAAGAGCAACATGTAATGAT 5915
Db 2401 ATGACTGGCCCAACAGACTTCTTAATATGCTTGTGTAAGAGCAACATGTAATGAT 2460
QY 5916 ACTTTATTTGCACTGTGTGATCCGAGAGAAATCTGAGGATTTCTGAGGCACTTCAACC 5975
Db 2461 ACTTTATTTGCACTGTGTGATCCGAGAGAAATCTGAGGATTTCTGAGGCACTTCAACC 2520
QY 5976 CCTGAGTGTCAATATCAGCTTGCATCCGTTGGCTCCACACCCGACGAGAGATGATGGC 6035
Db 2521 CCTGAGTGTCAATATCAGCTTGCATCCGTTGGCTCCACACCCGACGAGAGATGATGGC 2580
QY 6036 GCTCATTTGCTTGGGGTCTAGAGATTTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCT 6095
Db 2581 GCTCATTTGCTTGGGGTCTAGAGATTTGGCAGTATGTGTGCAATTTCTTTGTGATTTGCT 2640

Qy	6096	TTAAATGCTCTTAAAGCTGGAGTTCAGACATAGTTAAACATTCCTGTGCTCTTCTTCA	6155
Db	2641	TTAAATGCTCTTAAAGCTGGAGTTCAGACATAGTTAAACATTCCTGTGCTCTTCTTCA	2700
Qy	6156	GCTGCGAGAAAGGGGTACAAAGGGCCCTGGATTGATCAAGTATGCTCCAGACACGCTGC	6215
Db	2701	GCTGCGAGAAAGGGGTACAAAGGGCCCTGGATTGATCAAGTATGCTCCAGACACGCTGC	2766
Qy	6216	CATGCGGTGCTGAACACTCATCTTTTCTGTGTGAGAAATGTTTTGTGCAAACTTTTACAAAGAC	6275
Db	2761	CATGCGGTGCTGAACACTCATCTTTTCTGTGTGAGAAATGTTTTGTGCAAACTTTTACAAAGAC	2820
Qy	6276	CCAGAACTGTGTCAAAATTACTGAGAGAGGGCGTGTCCAGTCAACGCTGAGGCTGTGTGGGT	6335
Db	2821	CCAGAACTGTGTCAAAATTACTGAGAGAGGGCGTGTCCAGTCAACGCTGAGGCTGTGTGGGT	2888
Qy	6336	CGGCTAGACCGGACCCCAACTGATTTGAGACTGTCTGTGCTCAATTATGCGCTTATGAGACT	6395
Db	2881	CGGCTAGACCGGACCCCAACTGATTTGAGACTGTCTGTGCTCAATTATGCGCTTATGAGACT	2946
Qy	6396	ACTGTAAATATGAGAAATAATGGGAGATCACTTTTGTGTACACAGATATCTCTCCAAATG	6455
Db	2941	ACTGTAAATATGAGAAATAATGGGAGATCACTTTTGTGTACACAGATATCTCTCCAAATG	3000
Qy	6456	TCTGTTTCACCACGAGTGCCTCCCAACCTTGAGAGCTGCAGTGGCCGTGACCGGCGTACAG	6515
Db	3001	TCTGTTTCACCACGAGTGCCTCCCAACCTTGAGAGCTGCAGTGGCCGTGACCGGCGTACAG	3060
Qy	6516	TTCAAGTGTATCTAGTGTAGGACCCAAACCTCCTTGAGACACATCTGCTGTATTACGCTC	6575
Db	3061	TTCAAGTGTATCTAGTGTAGGACCCAAACCTCCTTGAGACACATCTGCTGTATTACGCTC	3120
Qy	6576	CTGACGGTAAAGGTTAAACCTGTTAAGCTTCCCTTCCGCTTGACGGTCAACACCTGCTG	6635
Db	3121	CTGACGGTAAAGGTTAAACCTGTTAAGCTTCCCTTCCGCTTGACGGTCAACACCTGCTG	3180
Qy	6636	TGCGGATGCCAATTAAATTTGCGGTATGACCTTGAGACAAATGACTGTATTTCCACAAAC	6695
Db	3181	TGCGGATGCCAATTAAATTTGCGGTATGACCTTGAGACAAATGACTGTATTTCCACAAAC	3240
Qy	6696	ACACTCTCTAGTATGATGAACCCGACAGTGTCCGCTCTGTGTTTCAAAACAGAGTTGCGGCGTA	6755
Db	3241	ACACTCTCTAGTATGATGAACCCGACAGTGTCCGCTCTGTGTTTCAAAACAGAGTTGCGGCGTA	3300
Qy	6756	CAAAACCAATTGCTTGAAGGCAATTTCAAGCTGACGTGACACCAACCAATGCGACGCCCT	6815
Db	3301	CAAAACCAATTGCTTGAAGGCAATTTCAAGCTGACGTGACACCAACCAATGCGACGCCCT	3360
Qy	6816	CC---ATTCGAAGAGTATGTTGTTAGAAAGCCCAAGTCTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTAA	6872
Db	3361	CCCAAGATTCGAAGAGTATGTTGTTAGAAAGCCCAAGTCTCCGGGCAAGAACTGTTGCTTAA	3420
Qy	6873	CCTTGACCTCCCCCTCCGAGATCCCGTCCGAGAGTGCATGTCTCGAAAGCCGTGCAACGAA	6932
Db	3421	CCTTGACCTCCCCCTCCGAGATCCCGTCCGAGAGTGCATGTCTCGAAAGCCGTGCAACGAA	3480
Qy	6933	GTGAACCCGTTAAGAAAGTCTTTCAAACCTCCCTCTTTCACACACTGTTTCTACAGTTTGCCCA	6992
Db	3481	GTGAACCCGTTAAGAAAGTCTTTCAAACCTCCCTCTTTCACACACTGTTTCTACAGTTTGCCCA	3540
Qy	6993	TGCGGATGCCCCCTGTTTGGGAGCGGGTGAAGTAAACCTTTCACTGCAATTGGATGTGCA	7052
Db	3541	TGCGGATGCCCCCTGTTTGGGAGCGGGTGAAGTAAACCTTTCACTGCAATTGGATGTGCA	3600
Qy	7053	TGACCGAAACAGGGCGGAGCCCTGATGTATTAACCAAGTTACCTCCCAAAAAGAGAGCTCT	7112
Db	3601	TGACCGAAACAGGGCGGAGCCCTGATGTATTAACCAAGTTACCTCCCAAAAAGAGAGCTCT	3660
Qy	7113	CTGAATGCTCAGACGAAAGTTGTGTGACAGGCTACAAACGTTTCCAGTACCTTACTGCGC	7172
Db	3661	CTGAATGCTCAGACGAAAGTTGTGTGACAGGCTTACAAACCGCTTCCAGTACCTTACTGCGC	3720
Qy	7173	CCCCGTACCTTAAGATACGGGGAAAAGATTCCACTCACTCAAGCCCCCGCAACCGGCGCTA	7232

Db	3721	CCCCGACCCCTAAATATACGGGGCAAGATTCACACTCAATCAAGCCACCGCCAAACGGCCTA	3785
QY	7233	CAAAAAGAAATTGGGAAAGAGTAGATTTTCGCGAGCATAGCTACACTGGACCGAGC	7292
Db	3781	CAAAAAGAAAGTTGGGAAAGAGTAGATTTTCGTCAGCATGAGCTACCTTGGACCGAGC	3840
QY	7293	TGATTAGCTTCAAAACGTCTCTAAAGTCTGTGTGCAACCTCGGGCCATCACTAGTGATT	7352
Db	3841	TGATTAGCTTCAAAACGTCTCTAAAGTCTGTGTGCAACCTCGGGCCATCACTAGTGATT	3900
QY	7353	TCCTCAACAAAGATCATTTGGTGTATGTGACTGAGCCGCGGATGCGAGCTTAGAAAC	7412
Db	3901	TCCTCAACAAAGATCATTTGGTGTATGTGACTGAGCCGCGGATGCGAGCTTAGAAAC	3960
QY	7413	AAAAAGCATATTAATATAGCAACCTCTGTTCGCCCATCATATACACAAGCAATGAGAT	7472
Db	3961	AAAAAGCATATTAATATAGCAACCTCTGTTCGCCCATCATATACACAAGCAATGAGAT	4020
QY	7473	TGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTTGCGTGCATGTGGGACTATGATGAATAGACAG	7532
Db	4021	TGGCTTAAGAAAAAGCTTCAAAAGTTTGCGTGCATGTGGGACTATGATGAATAGACAG	4080
QY	7533	CTCACAGCCTCTTAAGTCTGTCTAAGTCCACATCATCTGCTTCGGGGCATCTAATGTTT	7592
Db	4081	CTCACAGCCTCTTAAGTCTGTCTAAGTCCACATCATCTGCTTCGGGGCATCTA-----	4139
QY	7593	GTTCTGGAGCAGCCCGCAAGCTGTCTGCACTTGCAAGATGTGTGAGGACAGGTGAG	7652
Db	4136	-----TGTTCGGACTTGCAAGATGTGTGAGGACAGGTGAG	4173
QY	7653	TACCGAGTCATTATCGGCAACTGTGTAGTTCCAAAGAGAGAGTCTTCGTGAAGACC	7712
Db	4174	TACCGAGTCATTATCGGCAACTGTGTAGTTCCAAAGAGAGAGTCTTCGTGAAGACC	4233
QY	7713	CCCGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATC	7747
Db	4234	CCCGAAACCAACAAAGAAACCCCAAGGCTTATC	4268

Search completed: November 20, 2005, 08:39:39
Job time : 1579 secs

This Page Blank (uspto)

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: November 19, 2005, 09:22:32 ; Search time 31639 Seconds

(without alignments)
13899.042 Million cell updates/sec

Title: US-09-587-653-2

Perfect score: 9399

Sequence: 1 accacaacactccagttg.....ccgcgttggaataaact 9399

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 41078325 seqs, 23393541228 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 82156650

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

EST:*
1: gb_esc1:*
2: gb_esc2:*
3: gb_esc3:*
4: gb_hic:*
5: gb_esc4:*
6: gb_esc5:*
7: gb_esc6:*
8: gb_esc7:*
9: gb_ges1:*
10: gb_ges2:*
11: gb_ges3:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	69.6	0.7	849	10	CZ990300 207380 To
2	65.8	0.7	824	10	CZ990751 207976 To
3	57.8	0.6	769	10	CZ990230 207284 To
4	53.4	0.6	1101	10	CNS016HG
5	52.4	0.6	1101	10	CNS00LT2
6	51.8	0.6	988	10	CNS008J9
7	49.2	0.5	939	10	CNS015OM
8	48.4	0.5	997	10	CNS005TE
9	48	0.5	922	10	CNS0073W
10	47.4	0.5	937	10	CNS006ST
11	46.2	0.5	884	10	CNS006U0
12	46	0.5	895	10	CNS0067A
13	46	0.5	947	10	CNS0047J
14	45.4	0.5	841	10	AG484307
15	45	0.5	919	10	AG484307
16	45	0.5	1201	10	CNS0164Y
17	43.8	0.5	925	10	CNS0091P
18	43.6	0.5	885	3	BM416014
19	43.4	0.5	902	10	CNS0060P
20	43.2	0.5	910	10	CNS0060N
21	43.2	0.5	1101	10	CNS017JU
22	43	0.5	570	3	BM929584

C 23	43	0.5	573	3	BM683407
C 24	43	0.5	734	2	BG426743
C 25	43	0.5	1159	10	CNS015XR
C 26	42.8	0.5	340	1	AI098746
C 27	42.8	0.5	847	7	CK128702
C 28	42.8	0.5	852	10	CZ990303
C 29	42.6	0.5	1247	8	DN698953
C 30	42.4	0.5	474	3	BM522177
C 31	42.4	0.5	608	8	DR808730
C 32	42.4	0.5	892	8	DN059056
C 33	42.4	0.5	967	7	CR293420
C 34	42.4	0.5	979	10	CNS016BU
C 35	42.4	0.5	1253	3	BM415698
C 36	42.2	0.4	540	9	CE184530
C 37	42.2	0.4	776	7	CV059103
C 38	42.2	0.4	871	7	CJ400428
C 39	42.2	0.4	913	7	CJ387369
C 40	42.2	0.4	1022	11	CNS04X27
C 41	42	0.4	721	9	CC803018
C 42	42	0.4	866	10	AG126308
C 43	42	0.4	911	3	BM416036
C 44	42	0.4	1047	1	AJ926284
C 45	42	0.4	1100	10	CNS014RP

ALIGNMENTS

BM683407 UI-E-EJ1-
BG426743 602493292
AI06041 Drosophila
AI098746 we3801.Y
CK128702 AGENCOURT
CZ990303 207384 To
DN698953 C1J20-F03
BM522177 EESU0714
DR808730 ZM BRB003
DN059056 JGI CABAI
CR293420 CR293420
AI06048 Drosophila
BM415698 OP20778 M
CE184530 C1gr-gss-
CV059103 BNEI44d5
CJ400428 CJ400428
CJ387369 CJ387369
AJ311128 Tetradon
CC803018 1h10C06.g
AG126308 Pan trogl
BM416036 OP21119 M
AJ926284 AJ926284
AI04527 Drosophila

RESULT 1
LOCUS CZ990300 849 bp DNA linear GSS 11-AUG-2005
DEFINITION 207380 Tomato MBOI BAC library Lycopersicon esculentum genomic
clone SL_Mboi011C03 5, genomic survey sequence.
ACCESSION CZ990300
VERSION CZ990300.1 GI:72341945
KEYWORDS GSS.
SOURCE Lycopersicon esculentum (Solanum lycopersicum)
ORGANISM Lycopersicon esculentum
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;
asterids; lamiales; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
REFERENCE 1 (bases 1 to 849)
AUTHORS Mueller,L.A., Bueler,S.M., Wang,Y., Tankeley,S.D., Giovannoni,J.J.,
Van Eck,J. and Stack,S.W.
TITLE BAC end sequencing from three Solanum lycopersicon libraries
JOURNAL Unpublished (2005)
COMMENT Other_GSSs: 207379
Contact: Lukas Mueller
Tanksley Lab, Dept. of Plant Breeding
Cornell University
251 Emerson Hall, Ithaca, NY 14853, USA
Tel: 607-255-6557
Fax: 607-255-6683
Email: sgn-feedback@sgn.cornell.edu
Plate: 131 row: C column: 3
Seq primer: T7
Class: BAC ends
High quality sequence start: 25
High quality sequence stop: 464.
Location/Qualifiers
1. 849
/organism="Lycopersicon esculentum"
/mol_type="genomic DNA"
/cultivar="Heinz 1706"
/db_xref="taxon:4081"
/clone="SL_MBOI0131C03"
/lab_host="E. coli"
/clone_lib="Tomato MBOI BAC library"
/note="Vector: pBel0BAC11; Site_1: MBOI"

ORIGIN
Query Match 0.7%; Score 69.6; DB 10; Length 849;
Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 3.4e-08;

Matches 255; Conservative 0; Mismatches 309; Indels 0; Gaps 0;

QY 3407 TGTGACAGCGTGTGTTATCTGCTACCAATGGCAGCAGGCGCGGTTGGCTCATCC 3466
 Db 600 TATACGGGGTGTGATGACAGATATACAGGGGGCGGAACAAGACCATCGGGTCAACC 541

QY 3467 ACAGGCTCTATACACCAATACCGTTGACGGCGCTATAGACAGACATCTATCAACA 3526
 Db 540 AAGGGTCATGTTATTCAGATGTACACCAATGTGTGACCAAGACCTGTAGGCTGGCCGCT 481

QY 3527 CCATGTGAGCTGGTGGCTTACTCGGTGCTCTGGCGGGAGACCAAGGGGTATCTGTA 3586
 Db 480 CCCAAGGTGCTGCTCATTAACACCTGTGACCTGCGCTCCTCGSACCTTAACCTGTTC 421

QY 3587 ACACGACTGGGGTCATGTGTTGAGTCAACAAATCCGATGACCTTATGTTGTGTGTC 3646
 Db 420 ACAGGACAGCGCGATGTCAATCCGTCGCGCGGGGTGACAGCAGAGGACAGCTGTCTC 361

QY 3647 GGGGCGCTTCCATGCGCTGTGTCACAGGGTCTTCAAGTGCCTCCGATTTCTGTCTCTC 3706
 Db 360 TCGCCCGCGCTATCTCTTACTTGAAGGGCTCTCGGGGGCGCCACTGCTGTGCCCCGCG 301

QY 3707 GGGCATGTTATTTGGAGTTCACCGCTGTAGAAATTTGCGCGTTCAAGTCAAGTCAATT 3766
 Db 300 GACACGCTGTAGGCAATTTAGGGCCGCGGTGTGACCCGTGAGTGGCTAAGCGGTG 241

QY 3767 AGGGTTAGCGCGTGTGTGTGTGTGATACCATCCCAAGTACACAGACATGCACTCTT 3826
 Db 240 GATTGTGTCCCGTAGAAAGCTTAGAGACAAACATGAGGTCCCGGTGTTCAAGCAAC 181

QY 3827 GATACAAACCTTACTGTGCTTACGAGTATTCAGTCAATTTTATTTGCCCCCACTGTC 3886
 Db 180 TCTCTCCCAACAGACAGCCCCAGAGCTTCCAGTGTCTCACTGATGTCTCCACCGGC 121

QY 3887 AGCGGCAAGTCAACCAATTTTCTTATCATGAGGAGAGATGATGAGTCTTGTC 3946
 Db 120 AGCGGTAAAGGACCAAGTCCCGCGCGGTACCGGCTCAGGGCTTCAAGGTGCGGGTG 61

QY 3947 CTAATCCCAAGTGTGGCTACACA 3970
 Db 60 CTCACCCCTCGTTGCTGCAACA 37

RESULT 2
 C2990751 824 bp DNA linear GSS 11-AUG-2005
 LOCUS 207976 Tomato MboI BAC library Lycopersicon esculentum genomic
 DEFINITION clone SL_MboI0131A03 5, genomic survey sequence.

ACCESSION C2990751
 VERSION C2990751.1 GI:72342396
 KEYWORDS GSS.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (Solanum lycopersicum)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 BUKARYOTA; VIRIDIPHYTES; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;
 asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 824)
 Mueller, L.A., Buels, R.M., Wang, Y., Tanksley, S.D., Giovannoni, J.J.,
 Van Eck, J. and Stack, S.
 BAC end sequencing from three Solanum lycopersicon libraries
 Unpublished (2005)
 Other GSSs: 207975
 Contact: Lukas Mueller
 Tanksley Lab, Dept. of Plant Breeding
 Cornell University
 251 Emerson Hall, Ithaca, NY 14853, USA
 Tel: 607-255-6557
 Fax: 607-255-6683
 Email: sgn-feedback@sgn.cornell.edu
 Plate: 131 row: 0 column: 13
 Seq primer: T7
 Class: BAC ends
 High quality sequence start: 16

FEATURES High quality sequence stop: 553.
 Location/Qualifiers
 source 1..824
 /organism="Lycopersicon esculentum"
 /mol_type="genomic DNA"
 /cultivar="Heinz 1706"
 /db_xref="taxon:4081"
 /clone="SL_MboI0131A03"
 /lab_host="E. coli"
 /clone_lib="Tomato MboI BAC library"
 /note="Vector: pBelBAC11; Site_1: MboI"

Query Match 0.7%; Score 65.8; DB 10; Length 824;
 Best Local Similarity 45.9%; Pred. No. 4,7e-07;
 Matches 266; Conservative 0; Mismatches 307; Indels 6; Gaps 1;

QY 3163 CTGGCGTGTGGGACACAGGTTGATGTTGGCCGTTGTTGGCGCTTCGCGACCTTGT 3222
 Db 12 CTGGCGTGTGGGACATCATGACGCTTGGCCGCTCTGCTCCGTAGGGGCGGAGANT 71

QY 3223 TTTCCGAGGTTGGC-----TAGCCCGCAGATGGGTGGCCATTACCGACCTTTTAC 3276
 Db 72 ACTGCTCGGCGCGCGCATGAATGAGCTTTAAGGGGTGAGATTGTGGCCCGCATAC 131

QY 3277 GCTCAGTGTCTCTGAAACGTGACCGCTGTACAGAGTGCAGATGATGATGATGATG 3336
 Db 132 GCGGTATGCCCGACAGACAGAGGGCGCTTGGGGTGCATTAATTAACAGCTTACCGCCG 191

QY 3337 AGACCCCGAATTGGAAGTGAAGTATCTTCAATTTAGATCTTGGCCACTTACAT 3396
 Db 192 GACCAAGAACAGGTGTGAGAGGTGAGTTCAATTTGTCAATGCGCCGACAGACCTTCT 251

QY 3397 GGGATTTTGTGTGCAACGTGTGTATCTGCTCAACATGACGACAGAGGGCGCGTT 3456
 Db 252 GGCACCTGTATTAAGGGGTGTGCTGACCGCTTACACAGGGGCGGAACAGACCAT 311

QY 3457 GGCTATCCCAAGGCTCTATACCCCAATTAACCGTTGACGGGCTAATGACAGACAT 3516
 Db 312 CCGGTACCCCAAGGGCTCTGTATCCAGATGTACCAATGTGTGACCAAGACCTGTAG 371

QY 3517 CTATCAACCAAGTGTGAGTGGTCCCTTACTCGGTGCTTGTGGCGGAGACCAAGG 3576
 Db 372 CTGGCCCGCTCCCAAGGTGCCCGCTCATTAACACCTGTGACCTTGGCGCTTCCG 431

QY 3577 GATCTGTGTACGACAGTGGGGTCAATGTGTGAGTCAACAAATCCGATGACCTTATG 3636
 Db 432 TTAACCTGTGACAGGACAGCGCATGTCAATCCCGCGCGGGGTGTGACAGCAGAG 491

QY 3637 GTGTGTGTGGGGGCGCTTCCATGGCTGTGTGCAAGGGTTCTTCAAGTGGCCGATTC 3696
 Db 492 CAGCTGTCTGTGCGCCCGGCTATCTTACTTGAAGGGCTCTCGGGGGGCCACTGCT 551

QY 3697 GTGCTCTCCCGGCAATGTTATTTGGAGTTCACCGCTGC 3735
 Db 552 GTGCCCCGGGACACAGCTGTATGATATTAGGCGCG 590

RESULT 3
 C2990230 769 bp DNA linear GSS 11-AUG-2005
 LOCUS 207284 Tomato MboI BAC library Lycopersicon esculentum genomic
 DEFINITION clone SL_MboI0131A03 5, genomic survey sequence.

ACCESSION C2990230
 VERSION C2990230.1 GI:72341875
 KEYWORDS GSS.
 SOURCE Lycopersicon esculentum (Solanum lycopersicum)
 ORGANISM Lycopersicon esculentum
 BUKARYOTA; VIRIDIPHYTES; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;
 asterids; lamids; Solanales; Solanaceae; Solanum; Lycopersicon.
 1 (bases 1 to 769)
 Mueller, L.A., Buels, R.M., Wang, Y., Tanksley, S.D., Giovannoni, J.J.,

SOURCE	Drosophila melanogaster (fruit fly)
ORGANISM	Drosophila melanogaster Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephyroidea; Drosophilidae; Drosophila. 1 (bases 1 to 1101)
REFERENCE	Genoscope.
AUTHORS	Direct Submission
TITLE	Submitted (11-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequenace :
JOURNAL	Bp 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr) Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila melanogaster genome using these BACs. For further information please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila melanogaster BAC library was prepared by Kazutoyo Osagawa and Aaron Mammoler in Pieter de Jong's laboratory in the department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RPc1-98 and was constructed by partial ECORI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the library P1 and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm. Location/Qualifiers
FEATURES	1..1101 /organism="Drosophila melanogaster" /mol_type="genomic DNA" /db_xref="taxon.7227" /clone="BACR48P19" /isogene_1Id="RPc1-98" /note="end : TETJ3"
ORIGIN	
Query Match	0.6%; Score 52.4; DB 10; Length 1101;
Best Local Similarity	12.6%; Pred.No.0.0062;
Matches	50; Conservative 182; Mismatches 164; Indels 0; Gaps 0;
OY	2673 TACCACCTGTATGAGCAATTAGTGTGCATGTCCTGGTTCCCTTGTCCTACTGTATAC 27322 :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 706 KAAADKKKAKKMDAKKAKTUKKKDKKAAWMAADKKDRKGKKGGKGGKGGKGGK 765 OY 2733 CTCGCTGCTTTAAGTTTAACCTCTATCTTTGGCAAAGTCGGAGAATTGGTTTTGAAGC 2792 : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 766 KKKKKGGGMMCKGGKKRAADDADTKTKKKKKKAATTTTKKKKKKKKKKKKAKKKRADR 825 OY 2793 TTACAACTAAGACCGGAGAGGTTTTTCCCTGTGTCGATTGTGTTGCCCGCGCATATG 2852 : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 826 TKTKTWDAAAAAAANKTKTDGKKKKKKTKTTTKKKKKKKKKGGGKKDDAAAKKKKOTK 885 OY 2853 AC GGCGTGAGCTTTCTGTGTGTGCACGTAGCTCTTCTATGTTTAAACATCGAGTAG 2912 : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 886 KKKGGGKGGGGKGGKGGKGGKDDAAAAXXKKKKKKGGGGGGGGGGKGGKGGKGGK 945 OY 2913 CATGCTTTTGGGACCTAGCTCTAGGGGTTAAGGCCCATAGATGTGGTGGGTCTCGGA 2972 : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 946 KYTKTKKKKKKKRKADAAGTKTRAAADAAPWTDAATKKKKKKKKDKTKTKTKKDA 10050 OY 2973 AGTGCATGCTCGATTCATTCATTAAGTTTTCCTCTTAAGTTTGGTGGTGA 30322 : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 1006 AAATTKKKKKKKKKTKKKTKKKKKKKKKKKKKDDADKKKTGGKDGKGGKGGKGGKXTK 10655 OY 3033 ATGCTGTGTTTTCTATAAGCACCTGCATGCTGATG 3068 : :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: :: : Db 1066 TTKKKKKKKKKTKKKTADKKKKKKKKKADPKKKK 1101
RESULT 6	
CNS008J9/c	CNS008J9 988 bp DNA linear GSS 03-JUN-1999
LOCUS	Drosophila melanogaster genome survey sequence TETJ3 end of BAC #
DEFINITION	Drosophila melanogaster (fruit fly)

ACCESSION	VERSION	KEYWORDS	ORGANISM	REFERENCE	AUTHORS	TITLE	JOURNAL	COMMENT
BACR17M13			Drosophila melanogaster (fruit fly)					
AL052147			Drosophila melanogaster					
AL052147.1	GI:4933797		Drosophila melanogaster (fruit fly)					
			Drosophila melanogaster					
			Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.					
			1 (bases 1 to 988)					
			Genoscope.					
			Direct Submission					
			Submitted (02-JUN-1999)					
			Bp 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seqret@genoscope.cns.fr					
			- Web : www.genoscope.cns.fr)					
			Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a					
			collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP).					
			The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila					
			melanogaster genome using these BACs. For further information					
			please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila					
			melanogaster BAC library was prepared by Kazuo Oosawa and					
			Aaron Mammeter in Pieter de Jong's laboratory in the Department of					
			Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo,					
			NY. The library is named RPCL-98 and was constructed by partial					
			EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the					
			isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the library					
			P1 and EST libraries. A more detailed description of the library					
			and how to order individual BAC clones, the entire library, or					
			filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be					
			found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm .					
			location/Qualifiers					
			1. 988					
			/organism="Drosophila melanogaster"					
			/mol_type="genomic DNA"					
			/db_xref="taxon:7227"					
			/clone="BACR17M13"					
			/clone_lib="RPCL-98"					
			/note="End : TET3"					
ORIGIN								
Query Match	0.6%;	Score 51.8;	DB 10;	Length 988;				
Best Local Similarity	47.0%;	Pred. No. 0.009;						
Matches 111;	Conservative	7;	Mismatches 118;	Indels 0;	Gaps 0;			
QY	2809	GAGGTTTCTCTTGTGCTGTTGTTTCCCGGCGCACAATATACGGCTGTGACCTT	2866					
DB	254	GTGCTTTTCTTCTCTCCGTTTCTTCGGCGCCTCCGNCAGCGATTCCTCCTTT	195					
QY	2869	CTGTGTGTGTCAGCTAGCTCTTCTATGTTTAAATCCAGTGCAGCATGTTCTTTGGAC	2928					
DB	194	TGTGTCTTTCCTGCGTGTGTTGTTTCCCGGCGGCGGCGCTGTGCGGGGCTG	135					
QY	2929	TGACTCTAGGGTTTAGGGCCCATAGATGTTGTGCTGTCCGAAAGTCTATGCTTGTA	2988					
DB	134	TAGCTGNCGGGGGGGGGCTTCCTCCTCTTTGTGCTGTCBCCGCVNNKKYGTGTTTGTG	75					
QY	2989	TTCATCATTAATGTTTAACTTTTCCCTTAACTGTTGTTGGAGATGCGTGTGTTT	3044					
DB	74	GTTTGCTTTTGTGTTTGTGTTTATCTTGCTGTTTGTGCTGTTTGTGCTGTTTCT	19					
RESULT 7								
CNS0150M								
LOCUS	CNS0150M	939 bp	DNA	linear	SSS 26-JUL-1999			
DEFINITION	Drosophila melanogaster genome survey sequence SP6 end of BAC							
ACCESSION	BACR17M13							
VERSION	AL105712							
KEYWORDS	AL105712.1	GI:5617892						
SOURCE	Drosophila melanogaster (fruit fly)							
ORGANISM	Drosophila melanogaster							

VERSION	AL066784.1	GI:4945247
KEYWORDS	GSS.	
SOURCE	Drosophila melanogaster (fruit fly)	
ORGANISM	Drosophila melanogaster	

REFERENCE	AUTHORS	TITLE	JOURNAL
1	(bases 1 to 922)	Genoscope.	
	Direct Submission		
	Submitted (02-JUN-1999)	Genoscope - Centre National de Sequencage :	
	BP 191 91006 Evry cedex - FRANCE (E-mail : segr@genoscope.cns.fr		
	- Web : www.genoscope.cns.fr)		
	Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a		
	collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP).		
	The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila		
	melanogaster genome using these BACs. For further information		
	please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila		
	melanogaster BAC library was prepared by Kazuo Ooegawa and		
	Aaron Mammosses in Pieter de Jong's laboratory in the Department of		
	Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo,		
	NY. The library is named RPCL-98 and was constructed by partial		
	EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the		
	isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's		
	P1 and EST libraries. A more detailed description of the library		
	and how to order individual BAC clones, the entire library, or		
	filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be		
	found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm .		
FEATURES	Source	Location/Qualifiers	
	1..922		
	/organism="Drosophila melanogaster"		
	/mol_type="genomic DNA"		
	/db_xref="taxon:7227"		
	/clone="BACR14D09"		
	/clone_lib="RPCL-98"		
	/note="end : TET3"		
ORIGIN			
Query Match	0.5% ; Score 48; DB 10; Length 922;		
Best Local Similarity	21.4% ; Pred. No.0.12; 171; Indels 0; Gaps 0;		
Matches	79; Conservative 120; Mismatches		
QY	2678 CCTGATGAGCATTAGTGTGTCATGCTCTGTTTGCTCTTTCCTACCTGTCACCTGTC		
DB	471 CCYCTGGTGGCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT		
QY	2738 TGTGCTTAGTTAACTCCTATCTTTGGCAAGTGGAGAAATGTTTGGACGTTACA		
DB	531 KTGGGTAKGKGTATTTTSTGTGKATGKGTATTTTSTGTGKATTTTSTGTGKATTTTSTGTG		
QY	2798 CTAGACCCGAGAGAGGTTTTCCTGTTGCTGTTGTTTCCCGGAGCAGATGACGCG		
DB	591 GTSTGKGGKGGKATTTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG		
QY	2858 CTGTGACTTCTGTGTGTGTCACGTACCTCTTATGTTTAAATCAGTCAGTCAGCATCG		
DB	651 KTGTGGGKATTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTT		
QY	2918 TTTCTTTGGAGTACTTAAAGGTTAAGGCCCAATAGATGTTGTGTCGTTGGAAGTGT		
DB	711 KTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT		
QY	2978 CATGCTTGATATTCATTAATGTTCTTAAAGTTTTCCTTAAGTGTGTTGGAGAAATGT		
DB	771 TGGGKATTTCTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT		
QY	3038 GTGTTTCTT 3047		
DB	831 KKGKATTTCTT 840		
RESULT 10			
CNS006ST/c			
LOCUS			
DEFINITION			
	Drosophila melanogaster genome survey sequence TET3 end of BAC #		
	BACR1416 of RPCL-98 library from Drosophila melanogaster (fruit		
	fly), genomic survey sequence.		

```

ACCESSION      AL065880
VERSION        AL065880.1  GI:4944848
KEYWORDS
ORGANISM       Drosophila melanogaster (fruit fly)
SOURCE         Drosophila melanogaster
AUTHORS        Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota;
TITLE          Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha;
JOURNAL        Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.
REFERENCE      1 (bases 1 to 937)
               Genoscope.
               Direct Submission
               Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage :
               BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr
               Web : www.genoscope.cns.fr)
               Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a
               collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP).
               The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila
               melanogaster genome using these BACs. For further information
               please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila
               melanogaster BAC library was prepared by Kazuhiro Oseegawa and
               Aaron Mamooser in Pieter de Jong's laboratory in the Department of
               Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo,
               NY. The library is named RPCL-98 and was constructed by partial
               EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the
               isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's
               p1 and EST libraries. A more detailed description of the library
               and how to order individual BAC clones, the entire library, or
               filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be
               found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila\_bac.htm.
               Location/Qualifiers
                   1..937
                   /organism="Drosophila melanogaster"
                   /mol_type="genomic DNA"
                   /db_xref="taxon:7227"
                   /clone="BACR14F16"
                   /clone_1id="RPCL-98"
                   /note="End : TET3"

ORIGIN
Query Match      0.5%; Score 47.4; DB 10; Length 937;
Best Local Similarity 23.0%; Pred. No. 0.19;
Matches 86; Conservative 133; Mismatches 154; Indels 1; Gaps 1;

QY      2693 GTTGTCAATGCTCGTTTGGCTCTTTTGGCTCACTTGTACCTCGCTGNGCTT-TAGTTAA 2751
DB      932 GCBYBBBKYCTBGTBBGTSBSTSTGBTSYGBKKBKKBKTBGBKCBYBTBTTGB 873
QY      2752 CTCCTATCTTTGGGAACGTTGGAGAAATGTTTGGACACTTACATAGACCGAGAG 2811
DB      872 KBKCTGBKKKTBBKKBKCGTNMMAAAAKATATDTTKTBSBGGYGSCKBSCSBYCTC 813
QY      2812 GTTTTTCCTTGTCGTGTTGGTTTCCCGGTGCAGCATATGACCGCGCTGTGACTTTCTG 2871
DB      812 TSTTTKYNYIBYBHBKCBTGYTKCTGTSYKCBBCSGSYCTSCBCHBGTTCYCYYS 753
QY      2872 TGTGTGCAGTAGCTCTTATATGTTTAACATCCAGTGCAGATCGTCTTTGGACATCGA 2931
DB      752 TSTCTSTTTTGYGKTKTKTBKYKYSTYKYKYKCBKTKYTKGBKTKBKRYTTTG 693
QY      2932 CTCGAGGTTAGGGGCCATAGAAAGTTGGTGGCTCGGAAAGTGCATGCTTGGTATTC 2991
DB      692 BGTGCKBMYTTGGKKKKKGTGTTTKTKTKTKTCTGTTTAKKTKTKTKTKTKTGK 633
QY      2992 TCATTATGCTCTTAAGTTTTCCTCTTAAGTGTGGTGGAGATGGTGTTTTCTATAAA 3051
DB      632 KTGKKGTTTKTKTKTSTPKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKTKT 573
QY      3052 GCACTTGCAATGCTG 3065
DB      572 GTTTTGGKGTGKTKK 559

```

LOCUS	884 bp	DNA	linear	GSS 03-JUN-1999
DEFINITION	Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC # BACR14N21 of RpCl-98 library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.			
ACCESSION	AL065923			
VERSION	AL065923.1 GI:4944891			
KEYWORDS	GSS.			
SOURCE	Drosophila melanogaster (fruit fly)			
ORGANISM	Drosophila melanogaster			
	Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephydroidea; Drosophilidae; Drosophila.			
REFERENCE	1 (bases 1 to 884)			
AUTHORS	Genoscope.			
TITLE	Direct Submission			
JOURNAL	Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage : BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : sequef@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)			
COMMENT	Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the Drosophila melanogaster genome using these BACs. For further information please see http://www.fruitfly.org The BDGP Drosophila melanogaster BAC library was prepared by Kazuhiro Osogawa and Aaron Mammossier in Pieter de Jong's laboratory in the Department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RpCl-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of Drosophila DNA provided by the BDGP from the isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's P1 and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm .			

REFERENCE	AUTHORS	JOURNAL	COMMENT
<p>BACR14B09 of RCGI-98 library from <i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly) genomic survey sequence.</p> <p>AL066286</p> <p>AL066286.1 GI:4945153</p> <p>GSS.</p> <p><i>Drosophila melanogaster</i> (fruit fly)</p> <p><i>Drosophila melanogaster</i></p> <p>Eukaryota; Metazoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Diptera; Brachycera; Muscomorpha; Ephydroidae; Drosophilidae; <i>Drosophila</i>.</p> <p>1 (bases 1 to 895)</p> <p>Genoscope.</p> <p>Direct Submission</p> <p>Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Sequencage : BP 191 91006 EVRY cedex - FRANCE (E-mail : seqret@genoscope.cns.fr</p> <p>- Web : www.genoscope.cns.fr/</p> <p>Determination of this BAC-end sequence was carried out as part of a collaboration with the Berkeley <i>Drosophila</i> Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the <i>Drosophila melanogaster</i> genome using these BACs. For further information please see http://www.fruitfly.org The BDGP <i>Drosophila melanogaster</i> BAC library was prepared by Kazuhiro Oosagawa and Aaron Mammosser in Pieter de Jong's laboratory in the department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RCGI-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of <i>Drosophila</i> DNA provided by the BDGP from the isogenic strain Y2; on bw sp, the same strain used for the BDGP's pl and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.</p>			

```

FEATURES
  source
    location/Qualifiers
      1..884
        /organism="Drosophila melanogaster"
        /mol_type="genomic DNA"
        /db_xref="taxon:7227"
        /clone="BACR14N21"
        /clone_id="RPCI-98"
        /note="end : T7"

```

```

FEATURES
    source
        Location/Qualifiers
            1..895
                /organism="Drosophila melanogaster"
                /mol_type="genomic DNA"
                /db_xref="taxon:7227"
                /clone="BACR14B09"
                /clone_1lb="RPCL-98"
                /note="end : TET3"

```

[illegible]

Query Match	Similarity	Score	DB 10	length	895
Best local	Similarity	21.5%	Prod. No.	0.49	
Matches	81	Conservative	128	Mismatches	163
			Indels	4	Gaps
					1
Qy	2711	GGCTTCTTGGTCACATGTTGTTACCTGCTGCTGTTAGTTAACTCTATCTTTGGCAACGT	2770		
Db	481	KGKGGKTTTKTGTGKTXXXXXKGGGGGGGKGGKGGKGGKKTXXXXKKTGGGKG	540		
Qy	2771	TGGGAAGATTGGTTTGGAAACGTAACTAAGACCGAAGGTTTTCTTGGTCGCTT	2830		
Db	541	TGTGTTKKTGKGGKKTGKGGKGGTGTGTTTXXXXKKTGKKTGKGGKKTGKGGKGG	600		
Qy	2831	TGTTTTCCCGGTGCGACATATGACGGCTGGTACTTTCGTGTTGTCACGATGCTTT	2890		
Db	601	TGKTGKTTGKGGKGGGGTGGKGTGGGKGGKGTGKTTGKTTGKTTGKTTGKTTGK	660		
Qy	2891	CTATGTTTAACATCCAGTGCAGATCGTCTTTTGGACATGACTCTAAGGTTAAGGCCCAT	2950		
Db	661	KKKKGKGTGKGGKGGKGGT---KKKKKKKGGTGTGTTTCTTCTTCTGKKTGGKG	716		
Qy	2951	AGAATGTGGTGGCGCTCGGAAAGTGCATGCTGGTATTTTCATTATGTTCTTAAGTTT	3010		
Db	717	GKGKGTGKGGKGTGKGGKGGKGGKKTGKTTGTTGKGGKGGKTTTGGKTTGKGGKGG	776		
Qy	3011	TTCCTTATAGTGGTGGAGAAATGGTGGTCTTTCTATATAGACATGCAATGATGATGTC	3070		
Db	777	TGKGKGTGKGGKGTGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGGKGG	836		
Qy	3071	TTCGCTTAATGATTTTG	3086		
Db	837	TKKKGGTGTGKGGKGGT	852		

QY	2466	TCTTT	2470
Db	750	TCTTT	754

RESULT 15	CNS006S5	LOCUS	DEFINITION
	CNS006S5	919 bp	DNA linear GSS 03-JUN-1992
			Drosophila melanogaster genome survey sequence T7 end of BAC #

ACCESSION	AL065856	
VERSION	AL065856.1	GI:4944824
KEYWORDS	CCS	

SOURCE ORGANISM	Drosophila melanogaster (fruit fly)	Drosophila melanogaster
1	1	1
2	2	2
3	3	3
4	4	4
5	5	5
6	6	6
7	7	7
8	8	8
9	9	9
10	10	10
11	11	11
12	12	12
13	13	13
14	14	14
15	15	15
16	16	16
17	17	17
18	18	18
19	19	19
20	20	20
21	21	21
22	22	22
23	23	23
24	24	24
25	25	25
26	26	26
27	27	27
28	28	28
29	29	29
30	30	30
31	31	31
32	32	32
33	33	33
34	34	34
35	35	35
36	36	36
37	37	37
38	38	38
39	39	39
40	40	40
41	41	41
42	42	42
43	43	43
44	44	44
45	45	45
46	46	46
47	47	47
48	48	48
49	49	49
50	50	50
51	51	51
52	52	52
53	53	53
54	54	54
55	55	55
56	56	56
57	57	57
58	58	58
59	59	59
60	60	60
61	61	61
62	62	62
63	63	63
64	64	64
65	65	65
66	66	66
67	67	67
68	68	68
69	69	69
70	70	70
71	71	71
72	72	72
73	73	73
74	74	74
75	75	75
76	76	76
77	77	77
78	78	78
79	79	79
80	80	80
81	81	81
82	82	82
83	83	83
84	84	84
85	85	85
86	86	86
87	87	87
88	88	88
89	89	89
90	90	90
91	91	91
92	92	92
93	93	93
94	94	94
95	95	95
96	96	96
97	97	97
98	98	98
99	99	99
100	100	100

REFERENCE
1 (bases 1 to 919)

REFERENCE 1 (bases 1 to 919)
AUTHORS Genoscope.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (02-JUN-1999) Genoscope - Centre National de Séquençage

COMMENT

COMMENT

determination of this BAC-end sequence was carried out as part of collaboration with the Berkeley Drosophila Genome Project (BDGP). The BDGP is constructing a physical map of the *Drosophila melanogaster* genome using these BACs. For further information please see <http://www.fruitfly.org> The BDGP *Drosophila melanogaster* BAC library was prepared by Kazutoyo Osoegawa and Aaron Mammone in Pieter de Jong's laboratory in the Department of Cancer Genetics at the Roswell Park Cancer Institute in Buffalo, NY. The library is named RPc1-98 and was constructed by partial EcoRI digestion of *Drosophila* DNA provided by the BDGP from the isogenic strain Y2; cn bw sp, the same strain used for the BDGP's P1 and EST libraries. A more detailed description of the library and how to order individual BAC clones, the entire library, or filters for hybridization from the BACPAC Resource Center can be found at http://bacpac.med.buffalo.edu/drosophila_bac.htm.

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1. .919

```

/organism="Drosophila melanogaster"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:7227"
/clone="BACR14J09"
/clone_lib="RPCI-98"
/note="end : T7"

```

ORIGIN

Query Match	0.5%	Score 45;	DB 10;	Length 919;
Best Local Similarity	21.9%;	Pred. No. 1;		
Matches 93;	Conservative 150;	Mismatches 178;	Indels 4;	Gaps 1

Dy 2173 GGGAGTATCCACCAAGAAGCGCTGAGACTATTCTGTGGGTTTGCGGCAGCATATCT 2233
|| : : : : || : : : : || : : : : || : : : :
Db 493 GGRTSTAHMTMTSTCGCGTGMGYKKTYYTCYCTTTGTTCKCKGSGYTYTYYSTSY 552

[illegible]

Dy
613

GGCCTTGTGTCATCCCATCCAGTGATATCTCAAGCGTGCCTGGATGTATTGTCAAAGC 235

TTTSTSTSYSGYCTCGTATTGTCTCTCTCYCBBCGTSKGSYGGBBBSGY----GG 668

QY 2353 TCAAGTACTCCCTTTTGCTTGGATTTCCTTCATCTGTTGCTATCTCCGCTGCAGGCTACG 2412

Db 669 KCKKGGTCTCTGBTBSKCTGTTBTGYSKCTGKCKCTTATSTYCTCTTKATYTTCTCTTATTTTATST 728

QY 2413 TTATGCTGCCCCCTTTAGGGTTTGTGCCCATGCTGCGGGCTTGCCTCACTTCTTGG 2472

Db 729 TTTTSTVBTYYTKTKTKTKTKTYGTCTGCTCBTSYKBAKGTBKBSKSTBTSTSYGB 768

2473 TGCAGCAGCTGCTGCCCAACCAAGATATGACTGGTGGTGCAGCTGCTAGTGCAGGGTT 2532

Db 789 BSYSSKSTBVSSSTSTBSSYSBTBSSSSTSTSTBTSSBTSSSTSTSTSSBBT9BS 848

Dbb
OY 2533 AGATTTCCTGGCGGCGGTACCGCATAGCTCCTTGAAGTCCCTGC 2532

849 GSGTGTGTSTBASTSSBSBSTSSBBSSBBSTSBBSSTSTSTSSBBBSBTSSS 908

QY 2593 TCTGG 2597

Db 909 TBBSB 913

Search completed: November 20, 2005, 08:13:12
Job time : 31643 secs

This Page Blank (uspto)